

25.06.99

JP 99/03433

日本国特許庁

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

REC'D 13 AUG 1999

WIPO PCT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application:

1998年 6月26日

出願番号
Application Number:

平成10年特許願第180143号

出願人
Applicant(s):

中外製薬株式会社

BEST AVAILABLE COPY

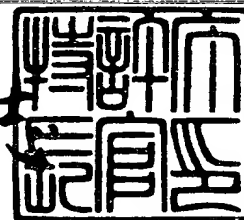
PRIORITY
DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年 7月15日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

伴佐山建志



出証番号 出証特平11-3050098

【書類名】 特許願
 【整理番号】 P98-0047
 【提出日】 平成10年 6月26日
 【あて先】 特許庁長官 殿
 【国際特許分類】 A61K 39/00
 【発明の名称】 高カルシウム血症クリーゼ治療剤
 【請求項の数】 7

【発明者】

【住所又は居所】 静岡県御殿場市駒門1-135 中外製薬株式会社内

【氏名】 佐藤 功

【発明者】

【住所又は居所】 静岡県御殿場市駒門1-135 中外製薬株式会社内

【氏名】 恒成 利明

【特許出願人】

【識別番号】 000003311

【氏名又は名称】 中外製薬株式会社

【代理人】

【識別番号】 100091096

【弁理士】

【氏名又は名称】 平木 祐輔

【選任した代理人】

【識別番号】 100096183

【弁理士】

【氏名又は名称】 石井 貞次

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 9807786

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 高カルシウム血症クリーゼ治療剤

【特許請求の範囲】

【請求項1】 副甲状腺ホルモン関連ペプチドとその受容体との結合を阻害する物質を有効成分として含む高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【請求項2】 物質が副甲状腺ホルモン関連ペプチド受容体に対するアンタゴニストである請求項1記載の高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【請求項3】 物質が抗副甲状腺ホルモン関連ペプチド抗体である請求項1記載の高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【請求項4】 物質が抗副甲状腺ホルモン関連ペプチド抗体断片及び／又はその修飾物である請求項1記載の高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【請求項5】 抗体がヒト型化又はキメラ化されたものである請求項3又は4記載の高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【請求項6】 ヒト型化抗体がヒト型化#23-57-137-1抗体である請求項5記載の高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【請求項7】 抗体がモノクローナル抗体である請求項3又は4記載の高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は副甲状腺ホルモン関連ペプチド (Parathyroid hormone related protein (PTHrP)) とその受容体との結合を阻害する物質を有効成分として含有する悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼ治療剤に関する。

【0002】

【従来の技術】

悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症は、全悪性腫瘍患者の5～20%にみられる重篤な合併症状であり、放置すれば確実に死に至るため、悪性腫瘍の末期的症状であると考えられている。高カルシウム血症のコントロールは患者の治療予後とQOL (Quality of Life) に大きく影響することから、臨床的に重要な役割を持つ。

【0003】

悪性腫瘍患者における高カルシウム血症は、一般に、腫瘍産生性の体液性骨吸収因子によるHHM (Humoral hypercalcemia of malignancy) と、骨に転移又は浸潤した腫瘍の局所的な作用によるLOH (Local Osteolytic hypercalcemia) とに大別される。HHMでは骨吸収又は骨破壊の亢進によりカルシウムの流出が増加し、腎のカルシウム排泄能の低下とあいまって高カルシウム血症を生ずると考えられている (和田誠基及び永田直一, 内科69, 644-648)。

【0004】

高カルシウム血症は、血清カルシウム値が12mg/dlを超えるとその症状が現れると考えられ、その症状として、初期に食思不振、悪心、嘔吐が悪性腫瘍患者において非特異的に認められる。高カルシウム血症が悪化すると、腎遠位尿細管の障害で水分の濃縮力が低下するために多尿となり、また、悪心、嘔吐により水分が十分に摂取されないため脱水を伴い、腎、皮膚、血管、肺、心、および胃における石灰化が起こる。高カルシウム血症がさらに悪化すると、全身倦怠、嗜眠、錯乱などの意識障害が現れ、ついには昏睡および心停止を起こす恐れがある (ハリソン内科書, 3427、内科学, 1081-1084, 朝倉書店)。

【0005】

悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症のうちHHMを起こす液性因子として、PTH (副甲状腺ホルモン; Parathyroid Hormone) 様の物質である副甲状腺ホルモン関連ペプチド (Parathyroid Hormone related Peptide、以下「PTHrP」という) がMo seley, J. M.らにより見いだされた (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1987)、84, 5048-5052)。

【0006】

その後、PTHrPをコードする遺伝子が単離され (Suva, L. J. et al., Science (1987) 237, 893) その解析から、ヒトPTHrPは遺伝子の選択的スプライシングに基づく139、141及び173個のアミノ酸からなる三種が存在すること、並びに血中では全構造を有するPTHrP (1-139) の限定分解に基づく様々なフラグメントが存在することが明らかになった (Baba, H. Clinical Calcium (1995) 5, 229-223)。PTHrPは、N末端側第1位から第13位のアミノ酸13個のうち8個がPTHと同一で

ある他、第14位から第34位アミノ酸部位においてもPTHと類似の立体構造を呈するものと推定され、少なくともN末端側においてはPTHと共通のPTH/PTHrP受容体に結合する (Jueppner, H. et al., Science (1991) 254, 1024-1026、Abou-Samra, A-B. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1992) 89, 2732-2736)。

【0007】

PTH/PTHrP受容体は主に骨と腎に存在し (滋野長平、Clinical Calcium (1995) 5, 355-359)、PTHrPが受容体に結合することにより複数の細胞内シグナル伝達系が活性化されることが知られている。その一つは、アデニルシクラーゼであり、もう一つはフォスホリパーゼCである。アデニルシクラーゼの活性化により、細胞内cAMP濃度が上昇しプロテインキナーゼAが活性化される。また、フォスホリパーゼCはフォスファチジルイノシトール4, 5-ビスフォスフォネートを分解してイノシトール1, 4, 5-トリフォスフォネートとジアシルグリセロールを生じさせる。これらのシグナル伝達系にはG蛋白質が関与する (Coleman, D. T. et al., Biochemical mechanisms of parathyroid hormone action. In: "The parathyroids" (Bilezikian, J. P. et al.), Raven press, New York, (1994) page 239)。PTHrPは、これらのシグナル伝達系を介して、HHMに観察される高カルシウム血症、低リン血症、腎リン再吸収能の低下、腎性cAMP排泄の増加などを引き起こす。

【0008】

このように、PTHrPは悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症に密接に関連するのみならず、急激な血中カルシウムの上昇による全身倦怠、嗜眠、錯乱などの意識障害や昏睡にいたる高カルシウム血症クリーゼの原因になっている。悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼをきたした場合は、カルシトニン、ステロイド剤、ビスフォスフォネート、リン酸緩衝液、生理食塩水、フルセミドなどを用いて高カルシウム血症と一般状態の改善をはかる。しかしながら、これらの薬剤は連続使用により効果が低減すること、強い副作用が発現すること、又は薬効発現が遅いことなどから、より治療効果が高く副作用の少ない薬剤の使用が期待されている。

【0009】

一方、悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症治療の新しい試みとして、Kukreja, S. C.らは、ヒト肺ガン細胞又はヒト喉頭ガン細胞を移植して高カルシウム血症を生じた無胸腺マウスにPTHrPに対する中和抗血清を投与すると、血中カルシウム濃度及び尿cAMPレベルが減少したことを報告している (J. Clin. Invest. (1988) 82, 1798-1802)。佐藤幹二らは、PTHrP産生ヒト腫瘍を移植したヌードマウスにPTHrP (1-34) に対する抗体を投与すると、高カルシウム血症を低減させ、マウスの生存時間を大幅に延長させたことを報告している (J. bone & Mine. Res. (1993) 8, 849-860)。また、特開平4-228089号には、ヒトPTHrP (1-34) に対するマウス/ヒトキメラ抗体が開示されている。

【0010】

前記のごとく、ヒト型化抗体は悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼの緊急処置の目的のために有用であると予想されるが、PTHrPに対するヒト型化抗体は知られておらず、前記文献にはその示唆もなされていない。また、ヒト型化抗体の製造方法において任意の抗体に普遍的に適用し得る画一的な方法は存在せず、特定の抗原に対して十分な結合活性、中和活性を示すヒト型化抗体を作製するためには種々の工夫が必要である (例えば、Sato, K. et al., Cancer Res., 53, 851-856, 1993 を参照のこと)。

【0011】

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、PTHrPとその受容体との結合を阻害する物質を有効成分として含む、悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療剤を提供することを目的とする。

【0012】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、かかる治療剤を提供すべく鋭意研究を重ねた結果、副甲状腺ホルモン関連ペプチドとその受容体との結合を阻害する物質により、目的が達成されることを見出し、本発明を完成するに至った。

すなわち、本発明は、副甲状腺ホルモン関連ペプチドとその受容体との結合を

阻害する物質を有効成分として含む悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼ治療剤である。

【0013】

以下、本発明を詳細に説明する。

【0014】

【発明の実施の形態】

本発明は、副甲状腺ホルモン関連ペプチド (Parathyroid hormone related protein: PTHrP) とその受容体 (PTHrP受容体) との結合を阻害する物質を有効成分として含む悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼ治療剤である。

「PTHrPとPTHrP受容体との結合を阻害する物質」とは、PTHrPに結合することによりPTHrPがPTHrP受容体と結合することを阻害する物質、あるいはPTHrP受容体に結合することによりPTHrPがPTHrP受容体と結合することを阻害する物質をいう。前者に該当する物質としては、例えば抗PTHrP抗体が挙げられ、後者に該当する物質としては、例えばPTHrP受容体に対するアンタゴニスト (PTHrPアンタゴニストともいう) が挙げられる。

【0015】

PTHrPアンタゴニストとしては、ポリペプチドや低分子物質が挙げられる。例えば、PTHrPに対して拮抗的にPTHrP受容体に結合する物質 (特開平7-165790号公報、Peptides (UNITED STATES) 1995, 16 (6) 1031-1037、Biochemistry (UNITED STATES) Apr. 28 1992, 31 (16) 4026-4033、特表平5-509098号公報などに記載のポリペプチド) が挙げられる。なお、これらのポリペプチドは、ペプチド合成の常法手段によって化学合成することができる。

これらPTHrPアンタゴニストは、本来のPTHrPペプチドと競合してPTHrP受容体に結合するが、その後のシグナル伝達を阻害してカルシウム濃度の上昇を抑制する機能を有するものである。

【0016】

また、上記例示のポリペプチドのうち、少なくとも1個のアミノ酸が欠失、置換、挿入等の変異が導入されたポリペプチドであって、同等のPTHrPアンタゴニスト活性を有するものも本発明のPTHrPアンタゴニストに含まれる。

本発明では、「PTHrPとPTHrP受容体との結合を阻害する物質」として抗PTHrP抗体を例に説明する。

抗PTHrP抗体としては、例えばヒト型化抗体、ヒト抗体 (W096/33735号公報) 又はキメラ抗体 (特開平4-228089号公報) などの公知の抗体のほか、本発明における抗体 (#23-57-137-1抗体) などが挙げられる。なお、抗体はポリクローナル抗体でもよいがモノクローナル抗体であることが好ましい。

【0017】

1. 抗PTHrP抗体

本発明で使用される抗PTHrP抗体は、悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼ治療剤の治療効果を有するものであれば、その由来、種類 (モノクローナル、ポリクローナル) および形状を問わない。

本発明で使用される抗PTHrP抗体は、公知の手段を用いてポリクローナルまたはモノクローナル抗体として得ることができる。本発明で使用される抗PTHrP抗体として、特に哺乳動物由来のモノクローナル抗体が好ましい。哺乳動物由来のモノクローナル抗体は、ハイブリドーマに産生されるもの、および遺伝子工学的手法により抗体遺伝子を含む発現ベクターで形質転換した宿主に産生されるものを含む。この抗体はPTHrPと結合することにより、PTHrPがPTH/PTHrP受容体に結合するのを阻害してPTHrPのシグナル伝達を遮断し、PTHrPの生物学的活性を阻害する抗体である。

【0018】

このような抗体としては、ハイブリドーマクローン #23-57-137-1により産生される #23-57-137-1抗体が挙げられる。

なお、ハイブリドーマクローン #23-57-137-1 は、mouse-mouse hybridoma #23-57-137-1 として、工業技術院生命工学工業技術研究所 (茨城県つくば市東1丁目1番3号) に、平成8年8月15日に、FERM BP-5631としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

【0019】

2. 抗体産生ハイブリドーマ

モノクローナル抗体産生ハイブリドーマは、基本的には公知技術を使用し、以

下のようにして作製できる。すなわち、PTHrPを感作抗原として使用して、これを通常の免疫方法にしたがって免疫し、得られる免疫細胞を通常の細胞融合法によって公知の親細胞と融合させ、通常のスクリーニング法により、モノクローナルな抗体産生細胞をスクリーニングすることによって作製できる。

具体的には、モノクローナル抗体を作製するには次のようにすればよい。

【0020】

まず、抗体取得の感作抗原として使用されるヒトPTHrPを、Suva, L. J. et al., Science (1987) 237, 893に開示されたPTHrP遺伝子／アミノ酸配列を発現することによって得る。すなわち、PTHrPをコードする遺伝子配列を公知の発現ベクター系に挿入して適当な宿主細胞を形質転換させた後、その宿主細胞中または培養上清中から目的のPTHrPタンパク質を公知の方法で精製する。

次に、この精製PTHrPタンパク質を感作抗原として用いる。あるいは、PTHrPのN末端の34個のペプチド(配列番号75)について、化学合成により作製することもでき、これを感作抗原として使用することもできる。

感作抗原で免疫される哺乳動物としては、特に限定されるものではないが、細胞融合に使用する親細胞との適合性を考慮して選択するのが好ましく、一般的にはげっ歯類の動物、例えば、マウス、ラット、ハムスター、あるいはウサギ、サル等が使用される。

【0021】

感作抗原を動物に免疫するには、公知の方法にしたがって行われる。例えば、一般的方法として、感作抗原を哺乳動物の腹腔内または皮下に注射することにより行われる。具体的には、感作抗原をPBS (Phosphate-Buffered Saline) や生理食塩水等で適当量に希釈、懸濁したものを所望により通常のアジュバント、例えばフロイント完全アジュバントを適量混合し、乳化後、哺乳動物に4-21日毎に数回投与する。また、感作抗原免疫時に適当な担体を使用することもできる。

このように哺乳動物を免疫し、血清中に所望の抗体レベルが上昇するのを確認した後、哺乳動物から免疫細胞を採取し、細胞融合に付されるが、好ましい免疫細胞としては、特に脾細胞が挙げられる。

【0022】

前記免疫細胞と融合される他方の親細胞として、哺乳動物のミエローマ細胞を用いる。このミエローマ細胞は、公知の種々の細胞株、例えば、P3 (P3x63Ag8.653) (J. Immunol. (1979) 123, 1548-1550)、P3x63Ag8U.1 (Current Topics in Microbiology and Immunology (1978) 81, 1-7)、NS-1 (Kohler, G. and Milstein, C. Eur. J. Immunol. (1976) 6, 511-519)、MPC-11 (Margulies, D. H. et al., Cell (1976) 8, 405-415)、SP2/0 (Shulman, M. et al., Nature (1978) 276, 269-270)、F0 (de St. Groth, S. F. et al., J. Immunol. Methods (1980) 35, 1-21)、S194 (Trowbridge, I. S. J. Exp. Med. (1978) 148, 313-323)、R210 (Galfre, G. et al., Nature (1979) 277, 131-133) 等が好適に使用される。

【0023】

前記免疫細胞とミエローマ細胞との細胞融合は、基本的には公知の方法、たとえば、ミルステインらの方法 (Kohler, G. and Milstein, C., Methods Enzymol. (1981) 73, 3-46) 等に準じて行うことができる。

より具体的には、前記細胞融合は、例えば細胞融合促進剤の存在下に通常の栄養培養液中で実施される。融合促進剤としては、例えばポリエチレングリコール (PEG)、センダイウィルス (HVJ) 等が使用され、更に所望により融合効率を高めるためにジメチルスルホキシド等の補助剤を添加使用することもできる。

【0024】

免疫細胞とミエローマ細胞との使用割合は任意に設定することができる。例えば、ミエローマ細胞に対して免疫細胞を1-10倍とするのが好ましい。前記細胞融合に用いる培養液としては、例えば、前記ミエローマ細胞株の増殖に好適なRPMI 1640培養液、MEM培養液、その他、この種の細胞培養に用いられる通常の培養液が使用可能であり、さらに、牛胎児血清 (FCS) 等の血清補液を併用することもできる。

【0025】

細胞融合は、前記免疫細胞とミエローマ細胞との所定量を前記培養液中でよく混合し、予め37℃程度に加温したPEG溶液 (例えば平均分子量1000-6000程度) を

通常30-60% (w/v) の濃度で添加し、混合することによって目的とする融合細胞（ハイブリドーマ）を形成する。続いて、適当な培養液を逐次添加し、遠心して上清を除去する操作を繰り返すことによりハイブリドーマの生育に好ましくない細胞融合剤等を除去する。

【0026】

このようにして得られたハイブリドーマは、通常の選択培養液、例えばHAT培養液（ヒポキサンチン、アミノプテリンおよびチミジンを含む培養液）で培養することにより選択される。上記HAT培養液での培養は、目的とするハイブリドーマ以外の細胞（非融合細胞）が死滅するのに十分な時間（通常、数日～数週間）継続する。ついで、通常の限界希釈法を実施し、目的とする抗体を産生するハイブリドーマのスクリーニングおよび単一クローニングを行う。

【0027】

また、ヒト以外の動物に抗原を免疫して上記ハイブリドーマを得る他に、ヒトリンパ球を *in vitro* でPTHrPに感作し、感作リンパ球をヒト由来の永久分裂能を有するミエローマ細胞と融合させ、PTHrPへの結合活性を有する所望のヒト抗体を得ることもできる（特公平1-59878号公報参照）。さらに、ヒト抗体遺伝子の全てのレパートリーを有するトランスジェニック動物に抗原となるPTHrPを投与して抗PTHrP抗体産生細胞を取得し、これを不死化させた細胞からPTHrPに対するヒト抗体を取得してもよい（国際特許出願公開番号W0 94/25585 号公報、W0 93/12227 号公報、W0 92/03918 号公報、W0 94/02602 号公報参照）。

【0028】

このようにして作製されるモノクローナル抗体を産生するハイブリドーマは、通常の培養液中で継代培養することが可能であり、また、液体窒素中で長期保存することが可能である。

当該ハイブリドーマからモノクローナル抗体を取得するには、当該ハイブリドーマを通常の方法にしたがい培養し、その培養上清として得る方法、あるいはハイブリドーマをこれと適合性がある哺乳動物に投与して増殖させ、その腹水として得る方法などが採用される。前者の方法は、高純度の抗体を得るのに適しており、一方、後者の方法は、抗体の大量生産に適している。

【0029】

3. 組換え型抗体

本発明では、モノクローナル抗体として、抗体遺伝子をハイブリドーマからクローニングし、適当なベクターに組み込んで、これを宿主に導入し、遺伝子組換え技術を用いて産生させた組換え型のものを用いることができる（例えば、Vandamme, A. M. et al., Eur. J. Biochem. (1990) 192, 767-775, 1990参照）。

具体的には、抗PTHrP抗体を産生するハイブリドーマから、抗PTHrP抗体の可変(V)領域をコードするmRNAを単離する。mRNAの単離は、公知の方法、例えば、グアニジン超遠心法 (Chirgwin, J. M. et al., Biochemistry (1979) 18, 5294-5299)、AGPC法 (Chomczynski, P. et al., Anal. Biochem. (1987) 162, 156-159) 等により行って全RNAを調製し、mRNA Purification Kit (Pharmacia製) 等を使用して目的のmRNAを調製する。また、QuickPrep mRNA Purification Kit (Pharmacia製) を用いることによりmRNAを直接調製することもできる。

【0030】

得られたmRNAから逆転写酵素を用いて抗体V領域のcDNAを合成する。cDNAの合成は、AMV Reverse Transcriptase First-strand cDNA Synthesis Kit (生化学工業社製) 等を用いて行う。また、cDNAの合成および増幅を行うには、5'-AmplifINDER RACE Kit (Clontech製) およびPCRを用いた5'-RACE法 (Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1988) 85, 8998-9002, Belyavsky, A. et al., Nucleic Acids Res. (1989) 17, 2919-2932) 等を使用することができる。

【0031】

得られたPCR産物から目的とするDNA断片を精製し、ベクターDNAと連結する。さらに、これより組換えベクターを作製し、大腸菌等に導入してコロニーを選択して所望の組換えベクターを調製する。そして、目的とするDNAの塩基配列を公知の方法、例えば、ジデオキシヌクレオチドチェーンターミネーション法等により確認する。

目的とする抗PTHrP抗体のV領域をコードするDNAを得たのち、これを、所望の抗体定常領域(C領域)をコードするDNAを含有する発現ベクターへ組み込む。

【0032】

本発明で使用する抗PTHrP抗体を製造するには、抗体遺伝子を発現制御領域、例えば、エンハンサー、プロモーターの制御のもとで発現するよう発現ベクターに組み込む。次に、この発現ベクターにより、宿主細胞を形質転換し、抗体を発現させる。

抗体遺伝子の発現は、抗体重鎖（H鎖）または軽鎖（L鎖）をコードするDNAを別々に発現ベクターに組み込んで宿主細胞を同時形質転換させてもよいし、あるいはH鎖およびL鎖をコードするDNAを単一の発現ベクターに組み込んで宿主細胞を形質転換させてもよい（WO 94/11523 号公報参照）。

【0033】

また、組換え型抗体の産生には上記宿主細胞だけではなく、トランスジェニック動物を使用することができる。例えば、抗体遺伝子を、乳汁中に固有に産生される蛋白質（ヤギ β カゼインなど）をコードする遺伝子の途中に挿入して融合遺伝子として調製する。抗体遺伝子が挿入された融合遺伝子を含むDNA断片をヤギの胚へ注入し、この胚を雌のヤギへ導入する。胚を受容したヤギから生まれるトランスジェニックヤギまたはその子孫が産生する乳汁から所望の抗体を得る。また、トランスジェニックヤギから産生される所望の抗体を含む乳汁量を増加させるために、適宜ホルモンをトランスジェニックヤギに使用してもよい（Ebert, K.M. et al., Bio/Technology (1994) 12, 699-702）。

【0034】

4. 改変抗体

本発明では、上記抗体のほかに、ヒトに対する異種抗原性を低下させること等を目的として人為的に改変した遺伝子組換え型抗体、例えば、キメラ抗体、ヒト型化（Humanized）抗体を使用できる。これらの改変抗体は、既知の方法を用いて製造することができる。

キメラ抗体は、前記のようにして得た抗体V領域をコードするDNAをヒト抗体C領域をコードするDNAと連結し、これを発現ベクターに組み込んで宿主に導入し産生させることにより得られる。この既知の方法を用いて、本発明に有用なキメラ抗体を得ることができる。

【0035】

ヒト型化抗体は、再構成 (reshaped) ヒト抗体とも称され、これは、ヒト以外の哺乳動物、例えばマウス抗体の相補性決定領域 (CDR; complementarity determining region) をヒト抗体の相補性決定領域へ移植したものであり、その一般的な遺伝子組換え手法も知られている (欧州特許出願公開番号 EP 125023 号公報、WO 96/02576 号公報参照)。

具体的には、マウス抗体の CDR とヒト抗体のフレームワーク領域 (framework region; FR) とを連結するように設計した DNA 配列を、CDR 及び FR 両方の末端領域にオーバーラップする部分を有するように作製した数個のオリゴヌクレオチドをプライマーとして用いて PCR 法により合成する (W098/13388 号公報に記載の方法を参照)。

【0036】

CDR を介して連結されるヒト抗体のフレームワーク領域は、相補性決定領域が良好な抗原結合部位を形成するものが選択される。必要に応じ、再構成ヒト抗体の相補性決定領域が適切な抗原結合部位を形成するように、抗体の可変領域におけるフレームワーク領域のアミノ酸を置換してもよい (Sato, K. et al., Cancer Res. (1993) 53, 851-856)。

キメラ抗体及びヒト型化抗体の C 領域には、ヒト抗体のものが使用され、例えば H 鎖では、C γ 1、C γ 2、C γ 3、C γ 4 を、L 鎖では C κ 、C λ を使用することができる。また、抗体またはその産生の安定性を改善するために、ヒト抗体 C 領域を修飾してもよい。

【0037】

キメラ抗体は、ヒト以外の哺乳動物由来抗体の可変領域とヒト抗体由来の定常領域とからなる。一方、ヒト型化抗体は、ヒト以外の哺乳動物由来抗体の相補性決定領域と、ヒト抗体由来のフレームワーク領域および C 領域とからなる。ヒト型化抗体はヒト体内における抗原性が低下されているため、本発明の治療剤の有効成分として有用である。

【0038】

本発明に使用できるヒト型化抗体としてはヒト型化 #23-57-137-1 抗体が挙げら

れる。ヒト型化#23-57-137-1抗体は、マウス由来の#23-57-137-1抗体の相補性決定領域を、L鎖についてはヒト抗体HSU03868 (GEN-BANK, Deftos Mら, Scand. J. Immunol., 39, 95-103, 1994) 由来の3つのFR断片 (FR1、FR2およびFR3) 並びにヒト抗体S25755 (NBRF-PDB) 由来のFR断片 (FR4) に連結したものであり、H鎖についてはヒト抗体S31679 (NBRF-PDB, Cuisinier AMら, Eur. J. Immunol., 23, 110-118, 1993) のフレームワーク領域と連結し、抗原結合活性を有するようにフレームワーク領域のアミノ酸残基を一部置換したものである。

【0039】

なお、ヒト型化#23-57-137-1抗体のL鎖またはH鎖をコードするDNAを含むプラスミドを有する大腸菌は、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日に、H鎖をコードするDNAを含むプラスミドを有する大腸菌である*Escherichia coli* JM109 (hMBC1HcdNA/pUC19) についてはFERM BP-5629として、L鎖をコードするDNAを含むプラスミドを有する大腸菌である*Escherichia coli* JM109 (hMBC1Lqλ/pUC19) についてはFERM BP-5630として、ブダペスト条約に基づきそれぞれ国際寄託されている。

【0040】

5. 抗体修飾物

本発明で使用する抗体は、PTHrPに結合し、PTHrPの活性を阻害するかぎり、抗体の断片又はその修飾物であってよい。例えば、抗体の断片としては、Fab、F(ab')₂、Fv、またはH鎖若しくはL鎖のFvを適当なリンカーで連結させたシングルチェインFv (scFv) が挙げられる。具体的には、抗体を酵素、例えばパパイン、ペプシンで処理し抗体断片を生成させるか、または、これら抗体断片をコードする遺伝子を構築し、これを発現ベクターに導入した後、適当な宿主細胞で発現させる（例えば、Co, M.S. et al., J. Immunol. (1994) 152, 2968-2976, Better, M. & Horwitz, A. H. Methods in Enzymology (1989) 178, 476-496, Academic Press, Inc., Plueckthun, A. & Skerra, A. Methods in Enzymology (1989) 178, 476-496, Academic Press, Inc., Lamoyi, E., Methods in Enzymology (1989) 121, 652-663, Rousseaux, J. et al., Methods in Enzymology (1989) 121, 663-669, Bird, R. E. et al., TIBTECH (1991) 9, 132-137参照）。

【0041】

scFvは、抗体のH鎖V領域とL鎖V領域とを連結することにより得られる。このscFvにおいて、H鎖V領域とL鎖V領域は、リンカー、好ましくはペプチドリンカーを介して連結される (Huston, J. S. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. (1988) 85, 5879-5883)。scFvにおけるH鎖V領域およびL鎖V領域は、本明細書に抗体として記載されたもののいずれの由来であってもよい。V領域を連結するペプチドリンカーとしては、例えばアミノ酸12-19残基からなる任意の一本鎖ペプチドが用いられる。

【0042】

scFvをコードするDNAは、前記抗体のH鎖またはH鎖V領域をコードするDNA、およびL鎖またはL鎖V領域をコードするDNAのうち、それらの配列のうちの全部又は所望のアミノ酸配列をコードするDNA部分を鋳型とし、その両端を規定するプライマー対を用いてPCR法により増幅し、次いで、さらにペプチドリンカー部分をコードするDNA、およびその両端が各々H鎖、L鎖と連結されるように規定するプライマー対を組み合わせて増幅することにより得られる。

また、一旦scFvをコードするDNAが作製されると、それらを含む発現ベクター、および該発現ベクターにより形質転換された宿主を常法に従って得ることができ、また、その宿主を用いることにより、常法に従ってscFvを得ることができる。

【0043】

これら抗体の断片は、前記と同様にしてその遺伝子を取得し発現させ、宿主により産生させることができる。本発明における「抗体」にはこれらの抗体の断片も包含される。

抗体の修飾物として、ポリエチレングリコール (PEG) 等の各種分子と結合した抗PTHrP抗体を使用することもできる。本発明における「抗体」にはこれらの抗体修飾物も包含される。このような抗体修飾物は、得られた抗体に化学的な修飾を施すことによって得ることができる。なお、抗体の修飾方法はこの分野においてすでに確立されている。

【0044】

6. 組換え型抗体または改変抗体の発現および産生

前記のように構築した抗体遺伝子は、公知の方法により発現させ、取得することができる。哺乳類細胞の場合、常用される有用なプロモーター、発現させる抗体遺伝子、その3'側下流にポリAシグナルを機能的に結合させて発現させることができる。例えばプロモーター/エンハンサーとしては、ヒトサイトメガロウィルス前期プロモーター/エンハンサー (human cytomegalovirus immediate early promoter/enhancer) を挙げることができる。

また、その他に本発明で使用される抗体発現に使用できるプロモーター/エンハンサーとして、レトロウィルス、ポリオーマウィルス、アデノウィルス、シミアンウィルス40 (SV40) 等のウィルスプロモーター/エンハンサー、あるいはヒトエロンゲーションファクター1 α (HEF1 α) などの哺乳類細胞由来のプロモーター/エンハンサー等が挙げられる。

【0045】

SV40プロモーター/エンハンサーを使用する場合はMulliganらの方法 (Nature (1979) 277, 108) により、また、HEF1 α プロモーター/エンハンサーを使用する場合はMizushimaらの方法 (Nucleic Acids Res. (1990) 18, 5322) により、容易に遺伝子発現を行うことができる。

大腸菌の場合、常用される有用なプロモーター、抗体分泌のためのシグナル配列及び発現させる抗体遺伝子を機能的に結合させて当該遺伝子を発現させることができる。プロモーターとしては、例えばlacZプロモーター、araBプロモーターを挙げることができる。lacZプロモーターを使用する場合はWardらの方法 (Nature (1998) 341, 544-546 ; FASEB J. (1992) 6, 2422-2427) により、あるいはaraBプロモーターを使用する場合はBetterらの方法 (Science (1988) 240, 1041-1043) により発現することができる。

【0046】

抗体分泌のためのシグナル配列としては、大腸菌のペリプラズムに産生させる場合、pelBシグナル配列 (Lei, S. P. et al J. Bacteriol. (1987) 169, 4379) を使用すればよい。そして、ペリプラズムに産生された抗体を分離した後、抗

体の構造を適切に組み直して (refold) 使用する。

複製起源としては、SV40、ポリオーマウイルス、アデノウイルス、ウシパピローマウイルス (BPV) 等の由来のものを用いることができ、さらに、宿主細胞系で遺伝子コピー数増幅のため、発現ベクターは、選択マーカーとしてアミノグリコシドトランスフェラーゼ (APH) 遺伝子、チミジンキナーゼ (TK) 遺伝子、大腸菌キサンチンゲアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ (Ecogpt) 遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素 (dhfr) 遺伝子等を含むことができる。

【0047】

本発明で使用される抗体の製造のために、任意の発現系、例えば真核細胞又は原核細胞系を使用することができる。真核細胞としては、例えば樹立された哺乳類細胞系、昆虫細胞系、真糸状菌細胞および酵母細胞などの動物細胞等が挙げられ、原核細胞としては、例えば大腸菌細胞等の細菌細胞が挙げられる。

好ましくは、本発明で使用される抗体は、哺乳類細胞、例えばCHO、COS、ミエローマ、BHK、Vero、HeLa細胞中で発現される。

【0048】

次に、形質転換された宿主細胞をin vitroまたはin vivoで培養して目的とする抗体を産生させる。宿主細胞の培養は公知の方法に従い行う。例えば、培養液として、DMEM、MEM、RPMI1640、IMDMを使用することができ、牛胎児血清 (FCS) 等の血清補液を併用することもできる。

【0049】

7. 抗体の分離、精製

前記のように発現、産生された抗体は、細胞、宿主動物から分離し均一にまで精製することができる。本発明で使用される抗体の分離、精製はアフィニティーカラムを用いて行うことができる。例えば、プロテインAカラムを用いたカラムとして、Hyper D、POROS、Sephacryl S-4B (Pharmacia製) 等が挙げられる。その他、通常のタンパク質で使用されている分離、精製方法を使用すればよく、何ら限定されるものではない。例えば、上記アフィニティーカラム以外のクロマトグラフィーカラム、フィルター、限外濾過、塩析、透析等を適宜選択、組み合わせることにより、抗体を分離、精製することができる (Antibodies A Laborator

y Manual. Ed Harlow, David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)。

【0050】

8. 抗体の活性の確認

本発明で使用する抗体の抗原結合活性 (Antibodies A Laboratory Manual. Ed Harlow, David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)、リガンドレセプター結合阻害活性 (Harada, A. et al., International Immunology (1993) 5, 681-690) の測定には公知の手段を使用することができる。

本発明で使用する抗PTHrP抗体の抗原結合活性を測定する方法として、ELISA (酵素結合免疫吸着検定法)、EIA (酵素免疫測定法)、RIA (放射免疫測定法) あるいは蛍光抗体法を用いることができる。例えば、酵素免疫測定法を用いる場合、PTHrP (1-34) をコーティングしたプレートに、抗PTHrP抗体を含む試料、例えば、抗PTHrP抗体産生細胞の培養上清や精製抗体を加える。アルカリフォスファターゼ等の酵素で標識した二次抗体を添加し、プレートをインキュベートし、洗浄した後、p-ニトロフェニルリン酸などの酵素基質を加えて吸光度を測定することで抗原結合活性を評価することができる。

本発明で使用する抗体の活性を確認するには、抗PTHrP抗体の中和活性を測定する。

【0051】

9. 投与方法および製剤

本発明の治療剤は、悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療又は改善を目的として使用される。

有効投与量は、一回につき体重1kgあたり0.001mg から1000mgの範囲で選ばれる。あるいは、患者あたり0.01~100000mg/bodyの投与量を選ぶことができる。しかしながら、本発明の抗PTHrP抗体を含有する治療剤はこれらの投与量に制限されるものではない。

【0052】

また、投与時期としては、悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼが生ずる前後を問わず投与してもよく、あるいは体重減少が予測される時に投与してもよい。

本発明の抗PTHrP抗体を有効成分として含有する治療剤は、常法にしたがって製剤化することができ（Remington's Pharmaceutical Science, latest edition, Mark Publishing Company, Easton, 米国）、医薬的に許容される担体や添加物を共に含むものであってもよい。

【0053】

このような担体および医薬添加物の例として、水、医薬的に許容される有機溶剤、コラーゲン、ポリビニルアルコール、ポリビニルピロリドン、カルボキシビニルポリマー、カルボキシメチルセルロースナトリウム、ポリアクリル酸ナトリウム、アルギン酸ナトリウム、水溶性デキストラン、カルボキシメチルスターチナトリウム、ペクチン、メチルセルロース、エチルセルロース、キサンタンガム、アラビアゴム、カゼイン、寒天、ポリエチレングリコール、ジグリセリン、グリセリン、プロピレングリコール、ワセリン、パラフィン、ステアリルアルコール、ステアリン酸、ヒト血清アルブミン（HSA）、マンニトール、ソルビトール、ラクトース、医薬添加物として許容される界面活性剤等が挙げられる。

【0054】

実際の添加物は、本発明治療剤の剤型に応じて上記の中から単独で又は適宜組み合わせで選ばれるが、もちろんこれらに限定するものではない。例えば、注射用製剤として使用する場合、精製された抗PTHrP抗体を溶剤、例えば生理食塩水、緩衝液、ブドウ糖溶液等に溶解し、これに吸着防止剤、例えばTween80、Tween 20、ゼラチン、ヒト血清アルブミン等を加えたものを使用することができる。あるいは、使用前に溶解再構成する剤形とするために凍結乾燥したものであってもよく、凍結乾燥のための賦形剤としては、例えば、マンニトール、ブドウ糖等の糖アルコールや糖類を使用することができる。

【0055】

【実施例】

以下、参考例および実施例により本発明をさらに具体的に説明する。但し、本発明はこれら実施例等にその技術的範囲が限定されるものではない。

〔実施例1〕 悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症モデル動物での薬効試験
ヒト腫瘍-ヌードマウス移植系の高カルシウム血症モデル動物を用いて、PTHr

Pに対するマウスモノクローナル抗体及びヒト型化モノクローナル抗体の高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果を検討した。

【0056】

モデル動物としてヒト膀胱癌FA-6（東京女子医大、佐藤幹二教授より譲渡）あるいはヒト肺癌株LC-6-JCK（（財）実験動物中央研究所より購入）を移植したヌードマウスあるいはヌードラットを用いた。これらのヒト腫瘍株を移植されたヌードマウスまたはヌードラットは、腫瘍の増加に伴い激しい血中カルシウム濃度の上昇がみられ、これに伴い急激な体重減少、全身状態の悪化、ときとして死亡にいたり、いわゆる高カルシウム血症クリーゼと呼ばれるような症状を呈する。この症状をPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体及びヒト型化モノクローナル抗体が改善することを、体重および血中イオン化カルシウム濃度を指標にして評価した。

【0057】

ヒト腫瘍株の継代維持及びモデル動物の作製

ヒト膀胱癌株FA-6およびヒト肺癌LC-6の継代は、BALB/c-nu/nuヌードマウス（日本クレア）を用いてin vivoで行った。マウスでの薬効評価には、5週齢雄性ヌードマウス（BALB/cAJcl-nu日本クレア）を購入し、1週間の馴化の後、6週齢の動物を使用した。ラットでの薬効評価には5週齢雄性ヌードラット（F344/N Jcl-rnu日本クレア）を購入し、マウスと同様に1週間の馴化の後、6週齢の動物を使用した。

【0058】

高カルシウム血症モデル動物の作製および群分けは、以下のように行った。すなわち、継代している腫瘍を摘出し、3mm角ブロックに細かく刻んだ腫瘍塊を動物の脇腹皮下に1匹あたり1個ずつ移植した。移植後、腫瘍体積が十分に大きくなり、血中イオン化カルシウム濃度が上昇したのを確認した後、腫瘍体積、血中イオン化カルシウム濃度および体重を指標として各指標が平均化するように群分けし、高カルシウム血症モデル動物とした。ラット、マウスとも抗体投与群、対照薬投与群及び溶媒（本実験では、リン酸バッファー生理食塩水（PBS））のみを投与した対照群の3群に群分けした。

【0059】

血中イオン化カルシウム濃度の測定

抗体投与後、2時間、4時間、24時間目（マウスを用いた薬効試験）または1時間、2時間、4時間、24時間目（ラットを用いた薬効試験）に血中イオン化カルシウム濃度を測定し、各抗体の薬効評価を行った。血中イオン化カルシウム濃度は、眼窩（マウス）または尾静脈（ラット）よりヘマトクリット管で採血し、643自動Ca/pHアナライザー（CIBA-CORNING）を用いて測定した。また抗体投与前と投与24時間後の体重も測定した。

【0060】

腫瘍体積の測定

腫瘍体積は、腫瘍の長径（a mm）および短径（b mm）を測定し、ギャランの計算式 $ab^2/2$ により腫瘍体積として算出した。

悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果の検討は、以下のように行った。

【0061】

1) マウスモノクローナル抗体（#23-57-137-1）の薬効試験

マウスモノクローナル抗体の薬効試験では、上記で作製、群分けしたモデルマウスに、リン酸バッファー生理食塩水（PBS）0.1mlに調整した抗体を100 μ g（100 μ g/0.1ml PBS/mouse）、尾静脈内に単回投与した。対照薬として、既に高カルシウム血症クリーゼの治療に用いられているカルシトニン製剤（カルシトラン）を、100U/kgの用量で尾静脈内に単回投与した。対照として、PBS 0.1 ml/mouseを尾静脈内に単回投与した（図1、図2）。

【0062】

2) ヒト型化抗体（hMBC（q））の薬効試験

1. 高カルシウム血症モデルマウスでの薬効試験

ヒト型化抗体の薬効試験では、高カルシウム血症モデルマウスに抗体30 μ g/0.1ml PBS/mouseを尾静脈内に単回投与した。対照薬として、カルシトニン製剤（エルシトニン）を、100U/kgの用量で尾静脈内に単回投与した。対照として、PBSを0.1 ml/mouseで尾静脈内に単回投与した（図3、図4）。

【0063】

2. 高カルシウム血症モデルラットでの薬効試験

ヒト型化抗体の薬効試験では、高カルシウム血症モデルラットに抗体0.5 mg/1 ml PBS/kgを尾静脈内に単回投与した。対照薬として、カルシトニン製剤（エルシトニン）を、1U/kgの用量で尾静脈内に単回投与した。対照として、PBSを1ml/kgで尾静脈内に単回投与した（図5、図6）。

【0064】

その結果、マウスモノクローナル抗体及びヒト型化抗体は、悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症モデルの血中イオン化カルシウム濃度を速やかに低下させた（図1、図3、図5）。カルシトニン製剤の効果は一時的であるのに対し、抗体の作用は即効的、かつ持続的であった。また抗体投与群では、カルシトニン製剤投与群には見られない24時間後の体重回復も認められた（図2、図4、図6）。このことから、PTHrPに対する中和活性を有するマウスモノクローナル抗体あるいはヒト型化抗体は、緊急の治療の要求される悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼの治療薬としての有用性が示された。

【0065】

〔参考例1〕

抗PTHrP(1-34)マウスモノクローナル抗体産生ハイブリドーマの作製

ヒトPTHrP(1-34)に対するモノクローナル抗体産生ハイブリドーマ#23-57-154および#23-57-137-1は、以下の通り作製した（Sato, K. et al., J. Bone Miner. Res. 8, 849-860, 1993）。なお、ヒトPTHrP(1-34)のアミノ酸配列を配列番号75に示す。

免疫原として使用するために、PTHrP(1-34)（Peninsula 製）とキャリアータンパクであるサイログロブリンをカルボジイミド（Dojinn）を用いて結合した。サイログロブリンと結合したPTHrP(1-34)を透析し、タンパク濃度として2 μ g/mlとなるように調製した後、フロイントアジュバント（Difco）と1:1で混合し、エマルジョン作製後、16匹の雌性BALB/Cマウスの背部皮下又は腹腔内に動物あたり100 μ gを11回免疫した。初回免疫は、フロイント完全アジュバントを用い、二回目以降の追加免疫にはフロイント不完全アジュバントを使用した。

【0066】

免疫したマウスの血清中の抗体価の測定は、以下の方法で行った。すなわち、マウス尾静脈より採血し、血清分離後RIAバッファーで希釈した抗血清と125I標識PTHrP(1-34)を混合し、結合活性を測定した。抗体価の上昇したマウスの腹腔に、キャリアタンパクを結合していないPTHrP(1-34)を動物あたり50 μ gを最終免疫した。

最終免疫3日目にマウスを屠殺し、脾臓を摘出後、脾臓細胞とマウスミエローマ細胞株P3x63Ag8U.1を50%ポリエチレングリコール4000を用いる常法にしたがって細胞融合した。細胞融合した細胞を 2×10^4 /ウェルの細胞数で85枚の96穴プレートに蒔き込んだ。ハイブリドーマの選別はHAT培地を用いて行った。

【0067】

ハイブリドーマのスクリーニングは、HAT培地中で生育の認められた穴の培養上清を固相化RIA法にてPTHrP認識抗体の有無を測定し選択することにより行った。抗体との結合能の認められた穴からハイブリドーマを回収し、15%FCSを含むRPMI-1640培地にOPI-supplement(Sigma)を添加した培地に懸濁し、限界希釈法にてハイブリドーマの単一化を実施した。PTHrP(1-34)との結合能の強いクローン#23-57-154 および#23-57-137-1を得た。

なお、ハイブリドーマクローン#23-57-137-1は、mouse-mouse hybridoma #23-57-137-1として、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日に、FERM BP-5631としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

【0068】

〔参考例2〕ヒトPTHrP(1-34)に対するマウスモノクローナル抗体のV領域をコードするDNAのクローニング

ヒトPTHrP(1-34)に対するマウスモノクローナル抗体#23-57-137-1の可変領域をコードするDNAを次の様にしてクローニングした。

(1) mRNAの調製

ハイブリドーマ#23-57-137-1からのmRNAをQuick Prep mRNA Purification Kit (Pharmacia Biotech社)を用いて調製した。ハイブリドーマ#23-57-137-1の細胞

を抽出バッファーで完全にホモジナイズし、キット添付の処方に従い、oligo(dT)-Cellulose Spun Column にてmRNAを精製し、エタノール沈殿をおこなった。mRNA沈殿物を溶出バッファーに溶解した。

【0069】

(2) マウスH鎖V領域をコードする遺伝子のcDNAの作製および増幅

(i) #23-57-137-1抗体H鎖V領域cDNAのクローニング

ヒトPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体のH鎖V領域をコードする遺伝子のクローニングは、5'-RACE法 (Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 8998-9002, 1988; Belyavsky, A. et al., Nucleic Acids Res. 17, 2919-2932, 1989) により行った。5'-RACE法には5'-Ampli FINDER RACE kit (CLONETECH社) を用い、操作はキット添付の処方にしたがって行った。cDNA合成に使用するプライマーは、マウスH鎖定常領域 (C領域) とハイブリダイズするMHC2プライマー (配列番号1) を用いた。前記のようにして調製したmRNA約2 μ gを鋳型としてMHC2プライマー10pmoleを加え、逆転写酵素と52℃、30分間反応させることによりcDNAへの逆転写を行った。

【0070】

6N NaOHでRNAを加水分解 (65℃、30分間) した後、エタノール沈殿によりcDNAを精製した。T4RNAリガーゼで37℃で6時間、室温で16時間反応することにより、合成したcDNAの5'末端にAmpli FINDER Anchor (配列番号42) を連結した。これを鋳型としてPCRにより増幅するためのプライマーとしてAnchorプライマー (配列番号2) およびMHC-G1プライマー (配列番号3) (S.T.Jones, et al., Biotechnology, 9, 88, 1991)を使用した。

【0071】

PCR溶液は、その50 μ l中に10mM Tris-HCl (pH8.3)、50mM KCl、0.25mM dNTPs (dATP, dGTP, dCTP, dTTP)、1.5 mM MgCl₂、2.5 ユニットのTaKaRa Taq (宝酒造)、10pmoleのAnchorプライマー、並びにMHC-G1プライマー及びAmpli FINDER Anchorを連結したcDNAの反応混合物1 μ lを含有する。この溶液に50 μ lの鉱油を上層した。PCRはThermal Cycler Model 480J (Perkin Elmer) を用い、94℃にて45秒間、60℃にて45秒間、72℃にて2分間の温度サイクルで30回行った。

【0072】

(ii) #23-57-137-1 抗体 L 鎖 V 領域の cDNA のクローニング

ヒト PTHrP に対するマウスモノクローナル抗体の L 鎖 V 領域をコードする遺伝子のクローニングは、5'-RACE 法 (Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85, 8998-9002, 1988 ; Belyavsky, A. et al., Nucleic Acids Res. 17, 2919-2932, 1989) により行った。5'-RACE 法には 5'-Ampli Finder RACE Kit (Clonetech) を使い、操作は添付の処方に従った。cDNA 合成に使用するプライマーは、oligo-dT プライマーを用いた。前記のように調製した mRNA 約 2 μ g を鋳型として oligo-dT プライマーを加え、逆転写酵素と 52°C、30 分間反応させることにより cDNA への逆転写を行った。6 N NaOH で RNA を加水分解 (65°C、30 分間) した後、エタノール沈殿により cDNA を精製した。合成した cDNA の 5' 末端に前記 Ampli FINDER Anchor を T4RNA リガーゼで 37°C で 6 時間、室温で 16 時間反応させることにより連結した。

【0073】

マウス L 鎖 λ 鎖定常領域の保存配列から PCR プライマー MLC (配列番号 4) を設計し、394 DNA/RNA Synthesizer (ABI 社) を用いて合成した。PCR 溶液は、その 100 μ l 中に 10 mM Tris-HCl (pH8.3)、50mM KCl、0.25mM dNTPs (dATP, dGTP, dCTP, dTTP)、1.5mM MgCl₂、2.5 ユニットの AmpliTaq (PERKIN ELMER)、50pmole の Anchor プライマー (配列番号 2)、並びに MLC (配列番号 4) および Ampli FINDER Anchor を連結した cDNA の反応混合物 1 μ l を含有する。この溶液に 50 μ l の鉱油を上層した。PCR は Thermal Cycler Model 480J (Perkin Elmer) を使い、94°C にて 45 秒間、60°C にて 45 秒間、72°C にて 2 分間の温度サイクルで 35 回行った。

【0074】

(3) PCR 生成物の精製および断片化

前記のようにして PCR 法により増幅した DNA 断片を、3 % Nu Sieve GTG アガロース (FMC Bio. Products) を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。H 鎖 V 領域として約 550bp 長、L 鎖 V 領域として約 550bp 長の DNA 断片を含有するアガロース片を切り取り、GENECLEAN II Kit (BI0101) を使い、キット添付の処方に従

いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノールで沈殿させた後、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1 mM EDTA 溶液20 μ l に溶解した。得られたDNA溶液 1 μ l を制限酵素XmaI (New England Biolabs)により37℃で1時間消化し、次いで制限酵素EcoRI (宝酒造)により37℃で1時間消化した。この消化混合物をフェノール及びクロロホルムで抽出し、エタノール沈殿によりDNAを回収した。

こうして、5'-末端にEcoRI 認識配列を有し、3'-末端にXmaI認識配列を有するマウスH鎖V領域およびL鎖V領域をコードする遺伝子を含むDNA断片を得た。

【0075】

上記のようにして調製したマウスH鎖V領域およびL鎖V領域をコードする遺伝子を含むEcoRI-XmaI DNA断片とEcoRI 及びXmaIで消化することにより調製したpUC19 ベクターをDNAライゲーションキットver.2 (宝酒造)を用い、添付の処方に従い16℃で1時間反応させ連結した。次に10 μ l の上記連結混合物を大腸菌JM109コンピテント細胞(ニッポンジーン) 100 μ l に加え、この細胞を氷上で15分間、42℃にて1分間、さらに氷上で1分間静置した。次いで300 μ l のSOC培地 (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrook, et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)を加え37℃にて30分間インキュベートした後、100 μ g/ml又は50 μ g/mlのアンピシリン、0.1mM のIPTG、20 μ g/mlのX-galを含むLB寒天培地または2xYT寒天培地 (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrook, et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)上にこの大腸菌をまき、37℃にて一夜インキュベートして大腸菌形質転換体を得た。

この形質転換体を100 μ g/ml又は50 μ g/mlのアンピシリンを含有するLB培地または2xYT培地 2 ml で37℃にて一夜培養し、菌体画分からプラスミド抽出機PI-100Σ (クラボウ) 又はQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN)を用いてプラスミドDNAを調製し、塩基配列の決定を行った。

【0076】

(4) マウス抗体V領域をコードする遺伝子の塩基配列決定

前記のプラスミド中のcDNAコード領域の塩基配列をDye Terminator Cycle Sequencing kit (Perkin-Elmer) を用い、DNA Sequencer 373A (ABI社Perkin-Elmer)により決定した。配列決定用プライマーとしてM13 Primer M4 (宝酒造) (配

列番号5) 及びM13 Primer RV (宝酒造) (配列番号6) を用い、両方向の塩基配列を確認することにより配列を決定した。

【0077】

こうして得られたハイブリドーマ#23-57-137-1に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むプラスミドをMBC1H04、L鎖V領域をコードする遺伝子を含むプラスミドをMBC1L24と命名した。プラスミドMBC1H04 およびMBC1L24 に含まれるマウス#23-57-137-1抗体のH鎖V領域およびL鎖V領域をコードする遺伝子の塩基配列(対応するアミノ酸配列を含む)をそれぞれ配列番号57、65に示す。これらのアミノ酸配列を、H鎖V領域の断片については配列番号46、L鎖V領域の断片については配列番号45に示す。

【0078】

なお、前記プラスミドMBC1H04 およびMBC1L24 を有する大腸菌は*Escherichia coli* JM109 (MBC1H04) および*Escherichia coli* JM109 (MBC1L24) として、工業技術院生命工学工業技術研究所(茨城県つくば市東1丁目1番3号)に、平成8年8月15日に、*Escherichia coli* JM109 (MBC1H04)についてはFERM BP-5628、*Escherichia coli* JM109 (MBC1L24)についてはFERM BP-5627としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

【0079】

(5) ヒトPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体#23-57-137-1のCDRの決定
H鎖V領域およびL鎖V領域の全般の構造は、互いに類似性を有しており、それぞれ4つのフレームワーク部分が3つの超可変領域、すなわち相補性決定領域(CDR)により連結されている。フレームワークのアミノ酸配列は、比較的よく保存されているが、一方、CDR領域のアミノ酸配列の変異性は極めて高い(Kabat, E. A. et al., 「Sequence of Proteins of Immunological Interest」 US Dept. Health and Human Services, 1983)。

【0080】

このような事実に基づき、ヒトPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体の可変領域のアミノ酸配列をKabat らにより作成された抗体のアミノ酸配列のデータベースにあてはめて、相同性を調べることによりCDR領域を表1に示すごとく決

定した。

なお、L鎖V領域のCDR1～3のアミノ酸配列についてはそれぞれ配列番号59～61に示し、H鎖V領域のCDR1～3のアミノ酸配列についてはそれぞれ配列番号62～64に示した。

【0081】

【表1】

V領域	配列番号	CDR1	CDR2	CDR3
H鎖V領域	57	31-35	50-66	99-107
L鎖V領域	65	23-34	50-60	93-105

【0082】

【参考例3】キメラ抗体の構築

(1) キメラ抗体H鎖の構築

(i) H鎖V領域の構築

ヒトH鎖C領域C γ 1のゲノムDNAを含む発現ベクターに連結するために、クローニングしたマウスH鎖V領域をPCR法により修飾した。後方プライマーMBC1-S1（配列番号7）はV領域のリーダー配列の5'-側をコードするDNAにハイブリダイズし、且つKozak コンセンサス配列（Kozak, M. et al., J. Mol. Biol., 196, 947-950, 1987）及び制限酵素Hind IIIの認識配列を有するように設計した。前方プライマーMBC1-a（配列番号8）はJ領域の3'-側をコードするDNA配列にハイブリダイズし、且つ、スプライスドナー配列及び制限酵素BamHIの認識配列を有するように設計した。PCRは、TaKaRa Ex Taq（宝酒造）を用い、50 μ lの反応混合液に鋳型DNAとして0.07 μ gのプラスミドMBC1H04、プライマーとしてMBC1-aおよびMBC1-S1をそれぞれ50pmole、2.5UのTaKaRa Ex Taq、0.25mMのdNTP

P含む条件で添付緩衝液を使用して50 μ lの鉱油を上層し、94℃にて1分間、55℃にて1分間、72℃にて2分間の温度サイクルで30回行った。PCR法により増幅したDNA断片を3%Nu Sieve GTGアガロース（FMC Bio. Products）を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。

【0083】

437bp 長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEAN II Kit(BI0101)を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノール沈殿で回収した後、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1 mM EDTA 溶液20 μ lに溶解した。得られたDNA溶液1 μ lを制限酵素BamHI、Hind III (宝酒造)により37℃ 1時間消化した。この消化混合物をフェノール及びクロロホルムで抽出し、エタノール沈殿によりDNAを回収した。

【0084】

上記のようにして調製したマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むHind III-BamHI DNA断片をHind IIIおよびBamHIで消化することにより調製したpUC19ベクターにサブクローニングした。このプラスミドの塩基配列を確認するためプライマーM13 Primer M4 およびM13 Primer RV をプライマーとして、Dye Terminator Cycle Sequencing kit(Perkin-Elmer)を用い、DNA Sequencer 373A (Perkin-Elmer)により塩基配列を決定した。正しい塩基配列を有するハイブリドーマ#23-57-137-1に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むし、5'-側にHind III認識配列及びKozak 配列、3'-側にBamHI認識配列を持つプラスミドをMB C1H/pUC19 と命名した。

【0085】

(ii) cDNAタイプのマウス-ヒトキメラH鎖の作製のためのH鎖V領域の構築
ヒトH鎖C領域C γ 1のcDNAと連結するために、上記のようにして構築したマウスH鎖V領域をPCR法により修飾した。H鎖V領域のための後方プライマーMBC1HVS2 (配列番号9)はV領域のリーダー配列の最初をコードする配列の2番のアスパラギンをグリシンに変換し、且つKozak コンセンサス配列 (Kozak, M. et al., J. Mol. Biol., 196, 947-950, 1987)並びにHind IIIおよびEcoRI 認識配列を有するように設計した。H鎖V領域のための前方プライマーMBC1HVR2 (配列番号10)はJ領域の3'-側をコードするDNA配列にハイブリダイズし、且つ、C領域の5'-側の配列をコードしApa I およびSma I認識配列を有するように設計した。

。

【0086】

PCRはTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を用い、50 μ l の反応混合液に鋳型DNAとして0.6 μ g のプラスミドMBC1H/pUC19、プライマーとしてMBC1HVS2およびMBC1HVR2をそれぞれ50pmole、TaKaRa Ex Taq を2.5U、0.25mMのdNTPを含む条件で添付の緩衝液を使用して50 μ l の鉱油を上層して94℃ 1 分間、55℃ 1 分間、72℃ 1 分間の温度サイクルで30回行った。PCR法により増幅したDNA断片を1 %Sea Kem GTGアガロース (FMC Bio.Products) を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。456bp 長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEAN II Kit(BI 0101)を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノール沈殿させた後、10mM Tris-HCl(pH7.4)、1 mM EDTA 溶液20 μ l に溶解した。

【0087】

得られたDNA溶液1 μ l を制限酵素EcoRI およびSmaI (宝酒造) により37℃で1時間消化した。この消化混合物をフェノール及びクロロホルムで抽出し、エタノール沈殿によりDNAを回収した。上記のようにして調製したマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むEcoRI-SmaI DNA断片をEcoRI およびSmaIで消化することにより調製したpUC19 ベクターにサブクローニングした。このプラスミドの塩基配列を確認するため、プライマーM13 Primer M4 及びM13 Primer RV をプライマーとして、Dye Terminator Cycle Sequencing kit(Perkin-Elmer) を用い、DNA Sequencer 373A(Perkin-Elmer)により塩基配列を決定した。正しい塩基配列を有するハイブリドーマ#23-57-137-1に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むし、5'-側にEcoRI およびHind III認識配列並びにKozak 配列、3'-側にApaIおよびSmaI認識配列を持つプラスミドをMBC1Hv/pUC19と命名した。

【0088】

(iii) キメラ抗体H鎖の発現ベクターの構築

ヒト抗体H鎖C領域C γ 1を含むcDNAは、以下のようにして調製した。すなわち、ヒト型化PM1抗体H鎖V領域およびヒト抗体H鎖C領域IgG1のゲノムDNA (N. Takahashi, et al., Cell 29, 671-679 1982) をコードする発現ベクターDHFR- Δ E-RVh-PM-1-f (W092/19759参照) と、ヒト型化PM1抗体L鎖V領域およびヒト

抗体 L 鎖 κ 鎖 C 領域のゲノム DNA をコードする発現ベクター RV1-PM1a (W092/1975 9 参照) とを導入した CHO 細胞より mRNA を調製し、RT-PCR 法でヒト型化 PM1 抗体 H 鎖 V 領域およびヒト抗体 C 領域 C γ 1 を含む cDNA をクローニングし、pUC19 の Hind III と BamHI 部位にサブクローニングした。塩基配列を確認した後、正しい配列を持つプラスミドを pRVh-PM1f-cDNA と命名した。

【0089】

DHFR- Δ E-RVh-PM-1-f 上の SV40 プロモーターと DHFR 遺伝子との間にある Hind III 部位、および EF-1 α プロモーターとヒト型化 PM1 抗体 H 鎖 V 領域との間にある EcoRI 部位を欠失した発現ベクターを作製し、ヒト型化 PM1 抗体 H 鎖 V 領域およびヒト抗体 C 領域 C γ 1 を含む cDNA の発現ベクターの構築のために使用した。

pRVh-PM1f-cDNA を BamHI で消化した後、Klenow フラグメントで平滑化し、さらに Hind III で消化し、Hind III-BamHI 平滑化断片を調製した。この Hind III-BamHI 平滑化断片を、上記の Hind III 部位および EcoRI 部位が欠失した DHFR- Δ E-RVh-PM1-f を Hind III および SmaI で消化することにより調製した発現ベクターに連結し、ヒト型化 PM1 抗体 H 鎖 V 領域およびヒト抗体 C 領域 C γ 1 をコードする cDNA を含む発現ベクター RVh-PM1f-cDNA を構築した。

【0090】

ヒト型化 PM1 抗体 H 鎖 V 領域およびヒト抗体 C 領域 C γ 1 をコードする cDNA を含む発現ベクター RVh-PM1f-cDNA を ApaI および BamHI で消化した後、H 鎖 C 領域を含む DNA 断片を回収し、ApaI および BamHI で消化することにより調製した MBC1Hv/pUC19 に導入した。こうして作製したプラスミドを MBC1HcDNA / pUC19 と命名した。このプラスミドはマウス抗体の H 鎖 V 領域およびヒト抗体 C 領域 C γ 1 をコードする cDNA を含み、5'-末端に EcoRI および Hind III 認識配列、3'-末端に BamHI 認識配列を持つ。

【0091】

プラスミド MBC1HcDNA/pUC19 を EcoRI および BamHI で消化し、得られたキメラ抗体の H 鎖をコードする塩基配列を含む DNA 断片を、EcoRI および BamHI で消化することにより調製した発現ベクター pCOS1 に導入した。こうして得られたキメラ抗体の発現プラスミドを MBC1HcDNA/pCOS1 と命名した。なお、発現ベクター pCOS1

は、HEF-PMh- γ 1 (W092/19759参照) から、EcoRI およびSmaI消化により抗体遺伝子を削除し、EcoRI-NotI-BamHIアダプター (宝酒造) を連結することにより構築した。

【0092】

さらにCHO細胞での発現に用いるためのプラスミドを作製するため、プラスミドMBC1HcDNA/pUC19 をEcoRI およびBamHIで消化し、得られたキメラ抗体H鎖配列を含むDNA断片を、EcoRI およびBamHIで消化することにより調製した発現プラスミドpCH01に導入した。こうして得られたキメラ抗体の発現プラスミドをMBC1HcDNA/pCH01 と命名した。なお、発現ベクターpCH01は、DHFR- Δ E-rvH-PM1-f (W092/19759参照) から、EcoRI およびSmaI消化により抗体遺伝子を削除し、EcoRI-NotI-BamHI Adaptor (宝酒造) を連結することにより構築した。

【0093】

(2) ヒトL鎖定常領域の構築

(i) クローニングベクターの作製

ヒトL鎖定常領域を含むpUC19 ベクターを構築するために、Hind III部位欠失pUC19 ベクターを作製した。pUC19 ベクター $2 \mu\text{g}$ を20mM Tris-HCl (pH8.5)、10mM MgCl_2 、1mM DTT、100 mM KCl、8 UのHind III (宝酒造) を含有する反応混合液 $20 \mu\text{l}$ 中で37℃にて1時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出し、DNAをエタノール沈殿により回収した。

回収したDNAを50mM Tris-HCl (pH7.5)、10mM MgCl_2 、1mM DTT、100mM NaCl、0.5mM dNTP、6 UのKlenowフラグメント (GIBCO BRL) を含有する $50 \mu\text{l}$ の反応混合液中で室温にて20分間反応させ、末端を平滑化させた。反応混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出し、ベクターDNAをエタノール沈殿により回収した。

【0094】

回収したベクターDNAを50mM Tris-HCl (pH7.6)、10mM MgCl_2 、1mM ATP、1mM DTT、5% (v/v) ポリエチレングリコール-8000、0.5 UのT4 DNAリガーゼ (GIBCO BRL) を含有する反応混合液 $10 \mu\text{l}$ 中で16℃で2時間反応させ、自己連結させた。反応混合液 $5 \mu\text{l}$ を大腸菌JM109 コンピテント細胞 (ニッポンジーン)

100 μ lに加え、氷上で30分間静置した後、42℃にて1分間、さらに氷上で1分間静置した。SOC培地500 μ lを加えて、37℃で1時間インキュベーションした後、X-gal とIPTGを表面に塗布した2×YT寒天培地 (50 μ g/mlアンピシリン含有) (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrook, et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)にまき、37℃で一夜培養して形質転換体を得た。

【0095】

形質転換体を、50 μ g/mlアンピシリンを含有する2×YT培地20mlで37℃一夜培養し、菌体画分からPlasmid Mini Kit(QIAGEN)を用いて、添付の処方に従ってプラスミドDNAを精製した。精製したプラスミドをHind IIIで消化し、Hind III部位が欠失していることを確認したプラスミドをpUC19 Δ Hind IIIと命名した。

【0096】

(ii)ヒトL鎖 λ 鎖定常領域をコードする遺伝子の構築

ヒト抗体L鎖 λ 鎖C領域は、Mcg+ Ke+ Oz-, Mcg- Ke- Oz-, Mcg- Ke- Oz+, Mcg- Ke+ Oz-の少なくとも4種類のアイソタイプが知られている (P. Dariavach, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 9074-9078, 1987)。#23-57-137-1マウスL鎖 λ 鎖C領域と相同性を有するヒト抗体L鎖 λ 鎖C領域をEMBLデータベースで検索した結果、アイソタイプがMcg+ Ke+ Oz- (accession No. X57819) (P. Dariavach, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 9074-9078, 1987)のヒト抗体L鎖 λ 鎖が最も高い相同性を示し、#23-57-137-1マウスL鎖 λ 鎖C領域との相同性はアミノ酸配列で64.4%、塩基配列で73.4%であった。

【0097】

そこで、このヒト抗体L鎖 λ 鎖C領域をコードする遺伝子の構築をPCR法を用いて行った。各プライマーの合成は、394 DNA/RNA synthesizer (ABI 社)を用いて行った。HLAMB1 (配列番号11) およびHLAMB3 (配列番号13) はセンスDNA配列を有し、HLAMB2 (配列番号12) およびHLAMB4 (配列番号14) はアンチセンスDNA配列を有し、それぞれのプライマーの両端に20から23bpの相補的配列を有する。

【0098】

外部プライマーHLAMBS（配列番号15）、HLAMBR（配列番号16）はHLAMB1、HLAMB4とそれぞれ相同な配列を有しており、またHLAMBSはEcoRI、Hind III、BlnI認識配列を、HLAMBRはEcoRI 認識配列をそれぞれ含んでいる。第一PCRでHLAMB1-HLAMB2 とHLAMB3-HLAMB4 の反応を行った。反応後、それらを等量混合し、第二PCRでアセンブリを行った。さらに外部プライマーHLAMBSおよびHLAMBRを添加し、第三PCRにより全長DNAを増幅させた。

【0099】

PCRはTaKaRa Ex Taq（宝酒造）を使い、添付の処方に従って行った。第一PCRでは、5 pmole のHLAMB1および 0.5pmole のHLAMB2と 5 UのTaKaRa Ex Taq（宝酒造）とを含有する100 μ l の反応混合液、あるいは0.5pmoleのHLAMB3および 5 pmole のHLAMB4と 5 UのTaKaRa Ex Taq（宝酒造）とを含有する100 μ l の反応混合液を用い、50 μ l の鉱油を上層して94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで5回行った。

第二PCR は、反応液を50 μ l ずつ混合し、50 μ l の鉱油を上層して94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで3回行った。

第三PCRは、反応液に外部プライマーHLAMBSおよびHLAMBRを各50pmole ずつ添加し、94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで30回行った。

【0100】

第三PCR産物のDNA断片を3%低融点アガロースゲル（NuSieve GTG Agarose, FMC）で電気泳動した後、GENECLEANII Kit(BIO101) を用い、添付の処方に従ってゲルから回収、精製した。

得られたDNA断片を50mM Tris-HCl(pH7.5)、10mM MgCl₂、1 mM DTT、100mM NaCl、8 UのEcoRI（宝酒造）を含有する20 μ l の反応混合液中で37℃にて1時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収した後、10mM Tris-HCl(pH7.4)、1 mM EDTA 溶液 8 μ l に溶解した。

【0101】

プラスミドpUC19 Δ Hind III 0.8 μ gを同様にEcoRIで消化し、フェノールおよびクロロホルムで抽出、エタノール沈殿により回収した。消化したプラスミドpUC19 Δ Hind IIIを50 mM Tris-HCl (pH9.0)、1 mM $MgCl_2$ 、アルカリホスファターゼ(E.coli C75, 宝酒造)を含有する反応混合液50 μ l中で37℃、30分間反応させ脱リン酸処理(BAP処理)した。反応液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿により回収した後、10mM Tris-HCl(pH7.4)、1 mM EDTA 溶液10 μ lに溶解した。

【0102】

上記のBAP処理したプラスミドpUC19 Δ Hind III 1 μ lと先のPCR産物4 μ lをDNA Ligation Kit Ver.2 (宝酒造)を用いて連結し、大腸菌JM109 コンピテント細胞に形質転換した。得られた形質転換体を50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで一夜培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

【0103】

上記プラスミドについて、クローニングされたDNAの塩基配列の確認を行った。塩基配列の決定には373A DNA sequencer (ABI 社)を用い、プライマーにはM13 Primer M4 およびM13 Primer RV (宝酒造)を用いた。その結果、クローニングされたDNAの内部に12bpの欠失があることが判明した。このDNAを含むプラスミドをC λ Δ /pUC19と命名した。そこで、その部分を補うためのプライマーHCLMS (配列番号17)、HCLMR (配列番号18)を新たに合成し、PCRで再度正しいDNAの構築を行った。

【0104】

第一PCRで欠失DNAを含むプラスミドC λ Δ /pUC19を鋳型とし、プライマーHLAMBSとHCLMR、HCLMSとHLAMB4で反応を行った。PCR産物をそれぞれ精製し、第二PCRでアセンブリを行った。さらに外部プライマーHLAMBSおよびHLAMB4を添加し、第三PCRにより全長DNAを増幅させた。

第一PCRでは、鋳型としてC λ Δ /pUC19 0.1 μ g、プライマーHLAMBSおよびHCLMR 各50pmole、あるいはHCLMS およびHLAMB4各50pmole、5 UのTaKaRa Ex T

aq (宝酒造) を含有する 100 μ l の反応混合液を用い、50 μ l の鉱油を上層して 94℃ にて 1 分間、60℃ にて 1 分間、72℃ にて 1 分間の温度サイクルで 30 回行った。

【0105】

PCR 産物 HLAMBS-HCLMR (236bp)、HCLMS-HLAMB4 (147bp) をそれぞれ 3 % 低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製した。第二 PCR では精製 DNA 断片各 40ng、1 U の TaKaRa Ex Taq (宝酒造) を含有する 20 μ l の反応混合液を用い、25 μ l の鉱油を上層して 94℃ にて 1 分間、60℃ にて 1 分間、72℃ にて 1 分間の温度サイクルを 5 回行った。

第三 PCR では、第二 PCR 反応液 2 μ l、外部プライマー HLAMBS、HLAMB4 各 50 pmol e、5 U の TaKaRa Ex Taq (宝酒造) を含有する 100 μ l の反応混合液を用い、50 μ l の鉱油を上層した。PCR は、94℃ にて 1 分間、60℃ にて 1 分間、72℃ にて 1 分間の温度サイクルで 30 回行った。第三 PCR 産物である 357bp の DNA 断片を 3 % 低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製した。

【0106】

得られた DNA 断片 0.1 μ g を EcoRI で消化した後、BAP 処理したプラスミド pUC19 Δ Hind III にサブクローニングした。大腸菌 JM109 コンピテント細胞に形質転換し、50 μ g/ml アンピシリンを含有する 2 \times YT 培地 2 ml で一夜培養し、菌体画分から QIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドについて塩基配列を M13 Primer M4、M13 Primer RV (宝酒造) を用い、373A DNA sequencer (ABI 社) にて決定した。欠失のない正しい塩基配列を有していることが確認されたプラスミドを C λ /pUC19 とした。

【0107】

(iii) ヒト L 鎖 κ 鎖定常領域をコードする遺伝子の構築

プラスミド HEF-PM1k-gk (W092/19759) から L 鎖 κ 鎖 C 領域をコードする DNA 断片を PCR 法を用いてクローニングした。394 DNA/RNA synthesizer (ABI 社) を用いて合成した前方プライマー HKAPS (配列番号 19) は EcoRI、Hind III、BlnI

認識配列を、後方プライマーHKAPA（配列番号20）はEcoRI 認識配列を有するように設計した。

鋳型となるプラスミドHEF-PM1k-gk 0.1 μ g、プライマーHKAPS、HKAPA 各50 pmole、5 UのTaKaRa Ex Taq（宝酒造）を含有する100 μ lの反応混合液を用い、50 μ lの鋳油を上層した。94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の反応を30サイクル行った。360bpのPCR産物を3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit(BIO101)を用いてゲルから回収、精製した。

【0108】

得られたDNA断片をEcoRIで消化した後、BAP処理したプラスミドpUC19 Δ Hind IIIにクローニングした。大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換し、50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで一夜培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドの塩基配列をM13 Primer M4、M13 Primer RV（宝酒造）を用い、373A DNA sequencer(ABI社)にて決定した。正しい塩基配列を有していることが確認されたプラスミドをC κ /pUC19とした。

【0109】

(3) キメラ抗体L鎖発現ベクターの構築

キメラ#23-57-137-1抗体L鎖発現ベクターを構築した。プラスミドC λ /pUC19、C κ /pUC19のヒト抗体定常領域の直前にあるHind III、BlnI部位に、#23-57-137-1L鎖V領域をコードする遺伝子を連結することによって、それぞれキメラ#23-57-137-1抗体L鎖V領域およびL鎖 λ 鎖またはL鎖 κ 鎖定常領域をコードするpUC19ベクターを作製した。EcoRI消化によってキメラ抗体L鎖遺伝子を切り出し、HEF発現ベクターへサブクローニングを行った。

すなわち、プラスミドMBC1L24から#23-57-137-1抗体L鎖V領域をPCR法を用いてクローニングした。各プライマーの合成は、394 DNA/RNA synthesizer(ABI社)を用いて行った。後方プライマーMBCCHL1（配列番号21）はHind III認識配列とKozak配列（Kozak, M. et al., J. Mol. Biol. 196, 947-950, 1987）を、前方プライマーMBCCHL3（配列番号22）はBglII、EcoRI認識配列を有するように設計した。

【0110】

PCRは、10mM Tris-HCl(pH8.3)、50mM KCl、1.5mM $MgCl_2$ 、0.2mM dNTP、0.1 μ gのMBC1L24、プライマーとしてMBCCHL1 およびMBCCHL3 を各50pmole、1 μ lの AmpliTaq(PERKIN ELMER) を含有する100 μ lの反応混合液を用い、50 μ lの鉱油を上層して94℃にて45秒間、60℃にて45秒間、72℃にて2分間の温度サイクルで30回行った。

444bpのPCR産物を3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEAN II kit(BIO101)を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1 mM EDTA 溶液20 μ lに溶解した。PCR産物1 μ lをそれぞれ10mM Tris-HCl (pH7.5)、10mM $MgCl_2$ 、1 mM DTT、50mM NaCl、8 UのHind III (宝酒造) および8 UのEcoRI (宝酒造) を含有する反応混合液20 μ l中で37℃にて1時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1 mM EDTA 溶液8 μ lに溶解した。

【0111】

プラスミドpUC19 1 μ gを同様にHind IIIおよびEcoRI で消化し、フェノールおよびクロロホルムで抽出、エタノール沈殿により回収し、アルカリホスファターゼ(E.coli C75, 宝酒造) でBAP処理した。反応液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収した後、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1 mM EDTA 溶液10 μ lに溶解した。

BAP処理したプラスミドpUC19 1 μ lと先のPCR産物4 μ lをDNA Ligation Kit Ver.2 (宝酒造) を用いて連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞(ニッポンジーン)に前述と同様に形質転換した。これを50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT寒天培地にまき、37℃で一夜培養した。得られた形質転換体を、50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2 mlで37℃で一夜培養した。菌体画分からQIA prep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。塩基配列を決定後、正しい塩基配列を有するプラスミドをCHL/pUC19 とした。

【0112】

プラスミドC λ /pUC19、C κ /pUC19 各1 μ gをそれぞれ20mM Tris-HCl(pH 8.5)、10mM $MgCl_2$ 、1 mM DTT、100mM KCl、8 Uの Hind III (宝酒造) および

2 U の BlnI (宝酒造) を含有する反応混合液 $20 \mu\text{l}$ 中で 37°C にて 1 時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNA をエタノール沈殿で回収した後、 37°C で 30 分間 BAP 処理を行った。反応液をフェノールおよびクロロホルムで抽出し、DNA をエタノール沈殿で回収し、 10mM Tris-HCl (pH7.4)、 1mM EDTA 溶液 $10 \mu\text{l}$ に溶解した。

【0113】

#23-57-137-1 L 鎖 V 領域を含むプラスミド CHL/pUC19 から $8 \mu\text{g}$ を同様に Hind III および BlnI で消化した。得られた 409bp の DNA 断片を 3% 低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEAN II Kit (BIO101) を用いてゲルから回収、精製し、 10mM Tris-HCl (pH7.4)、 1mM EDTA 溶液 $10 \mu\text{l}$ に溶解した。

この L 鎖 V 領域 DNA $4 \mu\text{l}$ を BAP 処理したプラスミド C λ /pUC19 または C κ /pUC19 各 $1 \mu\text{l}$ にサブクローニングし、大腸菌 JM109 コンピテント細胞に形質転換した。 $50 \mu\text{g/ml}$ アンピシリンを含有する $2 \times \text{YT}$ 培地 3ml で一夜培養し、菌体画分から QIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。これらをそれぞれプラスミド MBC1L(λ)/pUC19、MBC1L(κ)/pUC19 とした。

【0114】

プラスミド MBC1L(λ)/pUC19 および MBC1L(κ)/pUC19 をそれぞれ EcoRI で消化し、3% 低融点アガロースゲルで電気泳動した後、 743bp の DNA 断片を GENECLEAN II Kit (BIO101) を用いてゲルから回収、精製し、 10mM Tris-HCl (pH7.4)、 1mM EDTA 溶液 $10 \mu\text{l}$ に溶解した。

発現ベクターとしてプラスミド HEF-PM1k-gk $2.7 \mu\text{g}$ を EcoRI で消化し、フェノールおよびクロロホルムで抽出、DNA をエタノール沈殿で回収した。回収した DNA 断片を BAP 処理した後、1% 低融点アガロースゲルで電気泳動し、 6561bp の DNA 断片を GENECLEAN II Kit (BIO101) を用いてゲルから回収、精製し、 10mM Tris-HCl (pH7.4)、 1mM EDTA 溶液 $10 \mu\text{l}$ に溶解した。

【0115】

BAP 処理した HEF ベクター $2 \mu\text{l}$ を上記プラスミド MBC1L(λ) または MBC1L(κ) EcoRI 断片各 $3 \mu\text{l}$ と連結し、大腸菌 JM109 コンピテント細胞に形質転換した。 $50 \mu\text{g/ml}$ アンピシリンを含有する $2 \times \text{YT}$ 培地 2ml で培養し、菌体画分から QIAprep

Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドを、20mM Tris-HCl (pH8.5)、10mM $MgCl_2$ 、1mM DTT、10mM KCl、8UのHind III (宝酒造) および2UのPvuI (宝酒造) を含有する反応混合液20 μ l 中で37℃にて1時間消化した。断片が正しい方向に挿入されていれば5104/2195bp、逆方向に挿入されていれば4378/2926bp の消化断片が生じることより、正しい方向に挿入されていたプラスミドをそれぞれMBC1L(λ)/neo、

MBC1L(κ)/neo とした。

【0116】

(4) COS-7細胞のトランスフェクション

キメラ抗体の抗原結合活性および中和活性を評価するため、前記発現プラスミドをCOS-7細胞で一過性に発現させた。

すなわちキメラ抗体の一過性発現は、プラスミドMBC1HcDNA/pCOS1とMBC1L(λ)/neoまたはMBC1HcDNA/pCOS1とMBC1L(κ)/neoの組み合わせで、Gene Pulser装置(Bio Rad)を用いてエレクトロポレーションによりCOS-7細胞に同時形質導入した。PBS(-)中に 1×10^7 細胞/mlの細胞濃度で懸濁されているCOS-7細胞0.8mlに、各プラスミドDNA 10 μ gを加え、1,500V, 25 μ Fの静電容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を2%のUltra Low IgGウシ胎児血清(GIBCO)を含有するDMEM培地(GIBCO)に懸濁し、10cm培養皿を用いてCO₂ インキュベーターにて培養した。72時間の培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、ELISAの試料に供した。

また、COS-7細胞の培養上清からのキメラ抗体の精製は、AffiGel Protein A M APSIIキット(BioRad)を用いてキット添付の処方に従って行った。

【0117】

(5) ELISA

(i) 抗体濃度の測定

抗体濃度測定のためのELISAプレートを次のようにして調製した。ELISA用96穴プレート(Maxisorp, NUNC)の各穴を固相化バッファー(0.1M $NaHCO_3$ 、0.02% NaN₃)で1 μ g/mlの濃度に調製したヤギ抗ヒトIgG抗体(TAGO)100 μ lで固相化し、200 μ lの希釈バッファー(50mM Tris-HCl、1mM $MgCl_2$ 、0.1M NaCl、0.05% Tween20

、0.02% NaN_3 、1% 牛血清アルブミン(BSA)、pH7.2) でブロッキングの後、キメラ抗体を発現させたCOS細胞の培養上清あるいは精製キメラ抗体を段階希釈して各穴に加えた。1時間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結合ヤギ抗ヒトIgG抗体(TAGO)100 μl を加えた。1時間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1mg/mlの基質溶液(Sigma104、p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA)を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー(Bio Rad)で測定した。濃度測定のスタンダードとして、Hu IgG1 λ Purified(The Binding Site)を用いた。

【0118】

(ii)抗原結合能の測定

抗原結合測定のためのELISAプレートでは、次のようにして調製した。ELISA用96穴プレートの各穴を固相化バッファーで1 $\mu\text{g/ml}$ の濃度に調製したヒトPTHrP(1-34) (ペプチド研究所) 100 μl で固相化した。200 μl の希釈バッファーでブロッキングの後、キメラ抗体を発現させたCOS細胞の培養上清あるいは精製キメラ抗体を段階希釈して各穴に加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結合ヤギ抗ヒトIgG抗体(TAGO)100 μl を加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1 mg/mlの基質溶液(Sigma104、p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA)を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー(Bio Rad)で測定した。

【0119】

その結果、キメラ抗体は、ヒトPTHrP(1-34)に対する結合能を有しており、クローニングしたマウス抗体V領域の正しい構造を有することが示された。また、キメラ抗体においてL鎖C領域が λ 鎖あるいは κ 鎖のいずれであっても抗体のPTHrP(1-34)に対する結合能は変化しないことから、ヒト型化抗体のL鎖C領域は、ヒト型化抗体L鎖 λ 鎖を用いて構築した。

【0120】

(6) CHO安定産生細胞株の樹立

キメラ抗体の安定産生細胞株を樹立するため、前記発現プラスミドをCHO細胞(DXB11)に導入した。

すなわちキメラ抗体の安定産生細胞株樹立は、CHO細胞用発現プラスミドMBC1H cDNA/pCHO1とMBC1L(λ)/neoまたはMBC1HcDNA/pCHO1とMBC1L(κ)/neoの組み合わせで、Gene Pulser装置(Bio Rad)を用いてエレクトロポレーションによりCHO細胞に同時形質導入した。それぞれの発現ベクターを制限酵素PvuIで切断して直鎖DNAにし、フェノールおよびクロロホルム抽出後、エタノール沈殿でDNAを回収してエレクトロポレーションに用いた。PBS(-)中に 1×10^7 細胞/mlの細胞濃度で懸濁されているCHO細胞0.8mlに、各プラスミドDNA 10 μ gを加え、1,500V, 25 μ Fの静電容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を10%ウシ胎児血清(GIBCO)を添加したMEM- α 培地(GIBCO)に懸濁し、3枚の96穴プレート(Falcon)を用いてCO₂ インキュベーターにて培養した。培養開始翌日に、10%ウシ胎児血清(GIBCO)および500mg/mlのGENETICIN(G418Sulfate, GIBCO)添加、リボヌクレオシドおよびデオキリボヌクレオシド不含MEM- α 培地(GIBCO)の選択培地を交換し、抗体遺伝子の導入された細胞を選択した。選択培地交換後、2週間前後に顕微鏡下で細胞を観察し、順調な細胞増殖が認められた後に、上記抗体濃度測定ELISAにて抗体産生量を測定し、抗体産生量の多い細胞を選別した。

【0121】

樹立した抗体の安定産生細胞株の培養を拡大し、ローラーボトルにて2%のUltra Low IgGウシ胎児血清添加、リボヌクレオシドおよびデオキリボヌクレオシド不含MEM培地を用いて、大量培養を行った。培養3ないし4日目に培養上清を回収し、0.2 μ mのフィルター(Millipore)により細胞破片を除去した。

【0122】

CHO細胞の培養上清からのキメラ抗体の精製は、POROSプロテインAカラム(Perspective Biosystems)を用いて、ConSep LC100 (Millipore) にて添付の処方に従って行い、中和活性の測定および高カルシウム血症モデル動物での薬効試験に供した。得られた精製キメラ抗体の濃度および抗原結合活性は、上記ELISA系にて測定した。

【0123】

〔参考例4〕ヒト型化抗体の構築

(1) ヒト型化抗体H鎖の構築

(i) ヒト型化H鎖V領域の構築

ヒト型化#23-57-137-1抗体H鎖を、PCR法によるCDR-グラフティングにより作製した。ヒト抗体S31679(NBRF-PDB、Cuisinier A.M.ら、Eur. J. Immunol., 23, 110-118, 1993)由来のFRを有するヒト型化#23-57-137-1抗体H鎖(バージョン" a")の作製のために6個のPCRプライマーを使用した。CDR-グラフティングプライマー-MBC1HGP1(配列番号23)及びMBC1HGP3(配列番号24)はセンスDNA配列を有し、そしてCDRグラフティングプライマー-MBC1HGP2(配列番号25)及びMBC1HGP4(配列番号26)はアンチセンスDNA配列を有し、そしてそれぞれプライマーの両端に15から21bpの相補的配列を有する。外部プライマー-MBC1HVS1(配列番号27)及びMBC1HVR1(配列番号28)はCDRグラフティングプライマー-MBC1HGP1及びMBC1HGP4とホモロジーを有する。

【0124】

CDR-グラフティングプライマー-MBC1HGP1、MBC1HGP2、MBC1HGP3およびMBC1HGP4は尿素変性ポリアクリルアミドゲルを用いて分離し(Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrookら, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)、ゲルからの抽出はcrush and soak法(Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrookら, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)にて行った。

【0125】

すなわち、それぞれ1 nmoleのCDR-グラフティングプライマーを6%変性ポリアクリルアミドゲルで分離し、目的の大きさのDNA断片の同定をシリカゲル薄層板上で紫外線を照射して行い、crush and soak法にてゲルから回収し20 μ lの10 mM Tris-HCl (pH7.4), 1 mM EDTA溶液に溶解した。PCRは、TaKaRa Ex Taq (宝酒造)を用い、100 μ lの反応混合液に上記の様に調製したCDR-グラフティングプライマー-MBC1HGP1、MBC1HGP2、MBC1HGP3およびMBC1HGP4をそれぞれ1 μ l、0.25 mMのdNTP、2.5UのTaKaRa Ex Taqを含む条件で添付緩衝液を使用して94℃にて1分間、55℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで5回行い、さらに50 pmolの外部プライマー-MBC1HVS1及びMBC1HVR1を加え、同じ温度サイクルを30回行った。PCR法により増幅したDNA断片を4% Nu Sieve GTGアガロース(FMC Bio. Produ

cts)を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。

【0126】

421bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEANII Kit(BIO101)を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノールで沈殿させた後、10mM Tris-HCl(pH7.4), 1mM EDTA溶液20 μ lに溶解した。得られたPCR反応混合物をBamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングし、塩基配列を決定した。正しい配列を有するプラスミドをhMBCHv/pUC19と命名した。

【0127】

(ii) ヒト型化H鎖cDNAのためのH鎖V領域の構築
ヒトH鎖C領域C γ 1のcDNAと連結するために、上記のようにして構築したヒト型化H鎖V領域をPCR法により修飾した。後方プライマーMBC1HVS2はV領域のリーダー配列の5'-側をコードする配列とハイブリダイズし、且つKozakコンセンサス配列(Kozak, M, ら, J. Mol. Biol. 196, 947-950, 1987)、HindIIIおよびEcoRI認識配列を有するように設計した。H鎖V領域のための前方プライマーMBC1HVR2はJ領域の3'-側をコードするDNA配列にハイブリダイズし、且つC領域の5'-側の配列をコードしApaIおよびSmaI認識配列を有するように設計した。

【0128】

PCRはTaKaRa Ex Taq(宝酒造)を用い、鋳型DNAとして0.4 μ gのhMBCHv/pUC19を用い、プライマーとしてMBC1HVS2およびMBC1HVR2をそれぞれ50pmole、2.5UのTaKaRa Ex Taq、0.25mMのdNTPを含む条件で添付緩衝液を使用し、94 $^{\circ}$ Cにて1分間、55 $^{\circ}$ Cにて1分間、72 $^{\circ}$ Cにて1分間の温度サイクルで30回行った。PCR法により増幅したDNA断片を3% Nu Sieve GTGアガロース(FMC Bio.Products)を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。

【0129】

456bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEANII Kit(BIO101)を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノールで沈殿させた後、10mM Tris-HCl(pH7.4), 1mM EDTA溶液20 μ lに溶解した。得られたPCR反応混合物をEcoRIおよびSmaIで消化することで調製したpUC19にサブ

ニングし、塩基配列を決定した。こうして得られたハイブリドーマ⁵⁷に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含む、5'-側にEcoRI及びHindIII認識配列及びKozak配列、3'-側にApaIおよびSmaI認識配列を持つスミドをhMBC1H^v/pUC19と命名した。

【0130】

2) ヒト型化抗体H鎖の発現ベクターの構築
hPM1抗体H鎖cDNAの配列を含むプラスミドRVh-PM1f-cDNAをApaIおよびBamHIにて消化し、H鎖C領域を含むDNA断片を回収し、ApaIおよびBamHIで消化することにより調製したhMBC1H^v/pUC19に導入した。こうして作製したプラスミドをhMBC1HcDNA/pUC19と命名した。このプラスミドはヒト型化#23-57-137-1抗体のH鎖V領域及びヒトH鎖C領域C_γ1を含み、5'-末端にEcoRIおよびHindIII認識配列、3'-末端にBamHI認識配列を持つ。プラスミドhMBC1HcDNA/pUC19に含まれるヒト型化H鎖バージョン" a "の塩基配列および対応するアミノ酸配列を配列番号58に示す。また、バージョンaのアミノ酸配列を配列番号56に示す。

【0131】

hMBC1HcDNA/pUC19をEcoRIおよびBamHIで消化し、得られたH鎖配列を含むDNA断片をEcoRIおよびBamHIで消化することにより調製した発現プラスミドPCOS1に導入した。こうして得られたヒト型化抗体の発現プラスミドをhMBC1HcDNA/PCOS1と命名した。

さらにCHO細胞での発現に用いるためのプラスミドを作製するためhMBC1HcDNA/pUC19をEcoRIおよびBamHIで消化し、得られたH鎖配列を含むDNA断片をEcoRIおよびBamHIで消化することにより調製した発現プラスミドpCHO1に導入した。こうして得られたヒト型化抗体の発現プラスミドをhMBC1HcDNA/pCHO1と命名した。

【0132】

(3) L鎖ハイブリッド可変領域の構築

(i) FR1, 2/FR3, 4ハイブリッド抗体の作製

ヒト型化抗体とマウス(キメラ)抗体のFR領域を組み換えたL鎖遺伝子を構築し、ヒト型化のための各領域の評価を行った。CDR2内にある制限酵素AflIII切断部位を利用することによって、FR1及び2はヒト抗体由来、FR3及び4はマウス

抗体由来とするハイブリッド抗体を作製した。

プラスミドMBC1L(λ)/neo及びhMBC1L(λ)/neo各10 μ gを10mM Tris-HCl(pH7.5), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, 50mM NaCl, 0.01%(w/v)BSA, AflIII(宝酒造)10Uを含有する反応混合液100 μ l中で37℃にて1時間消化した。反応液を2%低融点アガロースゲルで電気泳動し、プラスミドMBC1L(λ)/neoから6282bpの断片(c1とする)および1022bpの断片(c2とする)、プラスミドhMBC1L(λ)/neoから6282bpの断片(h1とする)および1022bpの断片(h2とする)を、GENECLEANII Kit(BIOTOL)を用いてゲルから回収、精製した。

【0133】

回収したc1、h1断片各1 μ gについてBAP処理を行った。DNAをフェノールおよびクロロホルムで抽出、エタノール沈殿で回収した後、10mM Tris-HCl(pH7.4), 1mM EDTA溶液10 μ lに溶解した。

BAP処理したc1及びh1断片1 μ lをそれぞれh2、c2断片4 μ lに連結し(4℃、一夜)、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドを、10mM Tris-HCl(pH7.5), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, ApaLI(宝酒造)2U、またはBamHI(宝酒造)8U, HindIII(宝酒造)8Uを含有する反応混合液20 μ l中で37℃、1時間消化した。c1-h2が正しく連結されていれば、ApaLIで5560/1246/498bp、BamHI/HindIIIで7134/269bpの消化断片が生じることにより、プラスミドの確認を行った。

【0134】

これをヒトFR1,2/マウスFR3,4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクターをh/mMBC1L(λ)/neoとした。一方、h1-c2のクローンが得られなかったため、pUCベクター上で組換えてからHEFベクターにクローニングした。その際、アミノ酸置換のないヒト型化抗体L鎖V領域を含むプラスミドhMBC1La λ /pUC19、及びFR3内の91位(Kabatの規定によるアミノ酸番号87位)のチロシンをイソロイシンに置換したヒト型化抗体L鎖V領域を含むプラスミドhMBC1Ld λ /pUC19を鋳型として用いた。

【0135】

プラスミドMBC1L(λ)/pUC19、hMBC1La λ /pUC19及びhMBC1Ld λ /pUC19の各10 μ gを10mM Tris-HCl(pH7.5), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, 50mM NaCl, 0.01%(w/v)BSA, HindIII 16U, AflIII 4Uを含有する反応混合液30 μ l中で37℃、1時間消化した。反応液を2%低融点アガロースゲルで電気泳動し、プラスミドMBC1L(λ)/pUC19から215bp(c2')、プラスミドhMBC1La λ /pUC19およびhMBC1Ld λ /pUC19からそれぞれ3218bp(hal', hd1')のDNA断片をGENECLEANII Kit(BI0101)を用いてゲルから回収、精製した。

hal'、hd1'断片をそれぞれc2'断片に連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2×YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。これらをそれぞれプラスミドm/hMBC1La λ /pUC19、m/hMBC1Ld λ /pUC19とした。

【0136】

得られたプラスミドm/hMBC1La λ /pUC19、m/hMBC1Ld λ /pUC19をEcoRIで消化した。それぞれ743bpのDNA断片を2%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit(BI0101)を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl(pH7.4), 1mM EDTA溶液20 μ lに溶解した。

各DNA断片4 μ lを前述のBAP処理したHEFベクター1 μ lに連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2×YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

【0137】

精製した各プラスミドを、20mM Tris-HCl(pH8.5), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, 100mM KCl, HindIII(宝酒造)8U, PvuI(宝酒造)2Uを含有する反応混合液20 μ l中で37℃にて1時間消化した。断片が正しい方向に挿入されていれば5104/2195bp、逆方向に挿入されていれば4378/2926bpの消化断片が生じることより、プラスミドの確認を行った。これらをそれぞれマウスFR1,2/ヒトFR3,4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクターをm/hMBC1La λ /neo、m/hMBC1Ld λ /neoとした。

【0138】

(ii) FR1 / FR2 ハイブリッド抗体の作製

CDR1内にあるSnaBI切断部位を利用することによって、同様にFR1とFR2のハイブリッド抗体を作製した。

プラスミドMBC1L(λ)/neo及びh/mMBC1L(λ)/neoの各10 μ gを10mM Tris-HCl(pH 7.9), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, 50mM NaCl, 0.01%(w/v)BSA, SnaBI(宝酒造) 6 Uを含有する反応混合液20 μ l中で37℃にて1時間消化した。次に20mM Tris-HCl(pH 8.5), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, 100mM KCl, 0.01%(w/v)BSA, PvuI 6 Uを含有する反応混合液50 μ l中で37℃にて1時間消化した。

反応液を1.5%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、プラスミドMBC1L(λ)/neoから4955bp(m1)および2349bp(m2)、プラスミド h/mMBC1L(λ)/neoから4955bp(hm1)および2349bp(hm2)の各DNA断片をGENECLEANII Kit(BIO101)を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl(pH7.4), 1mM EDTA溶液40 μ lに溶解した。

【0139】

m1、hm1断片1 μ lをそれぞれhm2、m2断片4 μ lに連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2×YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

精製した各プラスミドを、10mM Tris-HCl(pH7.5), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, ApaI(宝酒造)8U、またはApaLI(宝酒造)2Uを含有する反応混合液20 μ l中で37℃にて1時間消化した。

各断片が正しく連結されていれば、ApaIで7304bp、ApaLIで5560/1246/498bp(m1-hm2)、ApaIで6538/766bp、ApaLIで3535/2025/1246/498bp (hm1-m2)の消化断片が生じることにより、プラスミドの確認を行った。これらをそれぞれヒトFR1/マウスFR2,3,4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクターをhmmMBC1L(λ)/neo、マウスFR1/ヒトFR2/マウスFR3,4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクターをmhmMBC1L(λ)/neoとした。

【0140】

(4) ヒト型化抗体L鎖の構築

ヒト型化#23-57-137-1抗体L鎖を、PCR法によるCDR-グラフティングにより作製した。ヒト抗体HSU03868(GEN-BANK、Deftos Mら, Scand. J. Immunol., 39, 95-103, 1994)由来のFR1、FR2およびFR3、並びにヒト抗体S25755(NBRF-PDB)由来のFR4を有するヒト型化#23-57-137-1抗体L鎖(バージョン" a ")の作製のために6個のPCRプライマーを使用した。

CDR-グラフティングプライマーMBC1LGP1(配列番号29)及びMBC1LGP3(配列番号30)はセンスDNA配列を有し、そしてCDRグラフティングプライマーMBC1LGP2(配列番号31)及びMBC1LGP4(配列番号32)はアンチセンスDNA配列を有し、そしてそれぞれプライマーの両端に15から21bpの相補的配列を有する。外部プライマーMBC1LVS1(配列番号33)及びMBC1LVR1(配列番号34)はCDRグラフティングプライマーMBC1LGP1及びMBC1LGP4とホモロジーを有する。

【0141】

CDR-グラフティングプライマーMBC1LGP1、MBC1LGP2、MBC1LGP3およびMBC1LGP4は尿素変性ポリアクリルアミドゲルを用いて分離し(Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrookら, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)、ゲルからの抽出はcrush and soak法(Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrookら, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)にて行った。

すなわち、それぞれ1nmoleのCDR-グラフティングプライマーを6%変性ポリアクリルアミドゲルで分離し、目的の大きさのDNA断片の同定をシリカゲル薄層板上で紫外線を照射して行い、crush and soak法にてゲルから回収し20 μ lの10mM Tris-HCl(pH7.4)、1mM EDTA溶液に溶解した。

【0142】

PCRは、TaKaRa Ex Taq (宝酒造)を用い、100 μ lの反応混合液に上記の様に調製したCDR-グラフティングプライマーMBC1LGP1、MBC1LGP2、MBC1LGP3およびMBC1LGP4をそれぞれ1 μ l、0.25mMのdNTP、2.5UのTaKaRa Ex Taqを含む条件で添付緩衝液を使用して94℃にて1分間、55℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで5回行い、この反応混合液に50pmoleの外部プライマーMBC1LVS1及びMBC1LVR1を加え、さらに同じ温度サイクルで30回反応させた。PCR法により増幅したDNA断片を3%Nu Sieve GTGアガロース(FMC Bio.Products)を用いたアガロースゲル

電気泳動により分離した。

【0143】

421bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEANII Kit(BI0101)を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。得られたPCR反応混合物をBamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングし、塩基配列を決定した。こうして得られたプラスミドをhMBCL/pUC19と命名した。しかしながらCDR4の104位(Kabatの規定によるアミノ酸番号96位)のアミノ酸がアルギニンになっていたため、これをチロシンに修正するための修正プライマーMBC1LGP10R(配列番号35)を設計し、合成した。PCRはTaKaRa Taq(宝酒造)を用い、100 μ lの反応混合液に鋳型DNAとして0.6 μ gのプラスミドhMBCL/pUC19、プライマーとしてMBC1LVS1及びMBC1LGP10Rをそれぞれ50pmole、2.5UのTaKaRa Ex Taq(宝酒造)0.25mMのdNTPを含む条件で添付の緩衝液を使用して50 μ lの鉱油を上層して94℃にて1分間、55℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで30回行った。PCR法により増幅したDNA断片を3% Nu Sieve GTGアガロース(FMC Bio. Products)を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。

【0144】

421bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEANII Kit(BI0101)を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。得られたPCR反応混合物をBamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングした。

【0145】

M13 Primer M4プライマー及びM13 Primer RVプライマーを用いて塩基配列を決定した結果、正しい配列を得ることができたので、このプラスミドをHindIIIおよびBlnIで消化し、416bpの断片を1%アガロースゲル電気泳動により分離した。GENECLEANII Kit(BI0101)を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。得られたPCR反応混合物をHindIIIおよびBlnIで消化することにより調製したプラスミドC λ /pUC19に導入し、プラスミドhMBC1La λ /pUC19と命名した。このプラスミドをEcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpCOS1に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置

するようにした。こうして得られたプラスミドをhMBC1La λ /pCOS1と命名した。ヒト型化L鎖バージョン”a”の塩基配列（対応するアミノ酸を含む）を配列番号66に示す。また、バージョンaのアミノ酸配列を配列番号47に示す。

【0146】

バージョン”b”をPCR法による変異導入を用いて作製した。バージョン”b”では43位(Kabatの規定によるアミノ酸番号43位)のグリシンをプロリンに、49位(Kabatの規定によるアミノ酸番号49位)のリジンをアスパラギン酸に変更するように設計した。変異原プライマーMBC1LGP5R(配列番号36)とプライマーMBC1LVS1によりプラスミドhMBC1La λ /pUC19を鋳型としてPCRを行い、得られたDNA断片をBamHIおよびHindIIIで消化し、pUC19のBamHI, HindIII部位にサブクローニングした。塩基配列決定後、制限酵素HindIIIおよびAflIIIで消化し、HindIIIおよびAflIIIで消化したhMBC1La λ /pUC19と連結した。

【0147】

こうして得られたプラスミドをhMBC1Lb λ /pUC19とし、このプラスミドをEcoRIで消化し、ヒト型化L鎖をコードするDNAを含む断片をプラスミドpCOS1に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをhMBC1Lb λ /pCOS1と命名した。

バージョン”c”をPCR法による変異導入を用いて作製した。バージョン”c”では84位(Kabatの規定によるアミノ酸番号80位)のセリンをプロリンに変更するように設計した。変異原プライマーMBC1LGP6S(配列番号37)とプライマーM13 Primer RVによりプラスミドhMBC1La λ /pUC19を鋳型としてPCRを行い、得られたDNA断片をBamHIおよびHindIIIで消化し、BamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングした。

【0148】

塩基配列決定後、制限酵素BstPIおよびAor51HIで消化し、BstPIおよびAor51HIで消化したhMBC1La λ /pUC19と連結した。こうして得られたプラスミドをhMBC1Lc λ /pUC19とし、このプラスミドを制限酵素EcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpCOS1のEcoRI部位に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られた

プラスミドをhMBC1Lcλ/pCOS1と命名した。

【0149】

バージョン" d "、" e " 及び" f " をPCR法による変異導入を用いて作製した。各バージョンとも順に" a "、" b "、" c " バージョンの91位(Kabatの規定によるアミノ酸番号87位) のチロシンをイソロイシンに変更するように設計した。変異原プライマーMBC1LGP11R(配列番号38)とプライマーM-S1 (配列番号44) によりそれぞれhMBC1Laλ/pCOS1, hMBC1Lbλ/pCOS1, hMBC1Lcλ/pCOS1を鋳型としてPCRを行い、得られたDNA断片をBamHIおよびHindIIIで消化し、BamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングした。塩基配列決定後、HindIIIおよびBlnIで消化し、HindIIIおよびBlnIで消化することにより調製したCλ/pUC19と連結した。

【0150】

こうして得られたプラスミドを順にhMBC1Ldλ/pUC19、hMBC1Leλ/pUC19、hMBC1Lfλ/pUC19とした。これらのプラスミドをEcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpCOS1のEcoRI部位に導入し、EF1αプロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをそれぞれ順にhMBC1Ldλ/pCOS1、hMBC1Leλ/pCOS1、hMBC1Lfλ/pCOS1と命名した。

【0151】

バージョン" g " 及び" h " をPCR法による変異導入を用いて作製した。各バージョンとも順に" a "、" d " バージョンの36位(Kabatの規定によるアミノ酸番号36位) のヒスチジンをチロシンに変更するように設計した。変異原プライマーMBC1LGP9R(配列番号39)およびM13 Primer RVをプライマーとして用いて、hMBC1Laλ/pUC19を鋳型としてPCRを行い、得られたPCR産物とM13 Primer M4をプライマーとして用いて、プラスミドhMBC1Laλ/pUC19を鋳型としてさらにPCRを行った。得られたDNA断片をHindIIIおよびBlnIで消化し、HindIIIおよびBlnIで消化することで調製したプラスミドCλ/pUC19にサブクローニングした。このプラスミドを鋳型として、プライマーMBC1LGP13R(配列番号40)とMBC1LVS1をプライマーとしたPCRを行った。得られたPCR断片をApaIおよびHindIIで消化し、ApaIおよびHi

ndIIIで消化したプラスミドhMBC1La λ /pUC19およびhMBC1Ld λ /pUC19に導入した。塩基配列を決定し、正しい配列を含むプラスミドを順にhMBC1Lg λ /pUC19およびhMBC1Lh λ /pUC19とし、これらのプラスミドを制限酵素EcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpCOS1のEcoRI部位に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをそれぞれ順にhMBC1Lg λ /pCOS1およびhMBC1Lh λ /pCOS1と命名した。

【0152】

バージョン"i"、"j"、"k"、"l"、"m"、"n" および"o" をPCR法による変異導入を用いて作製した。変異原プライマーMBC1LGP14S(配列番号41)とプライマー VIRV(λ)(配列番号43)によりプラスミドhMBC1La λ /pUC19を鋳型としてPCRを行い、得られたDNA断片をApaIおよびBlnIで消化し、ApaIおよびBlnIで消化することにより調製したプラスミドhMBC1Lg λ /pUC19にサブクローニングした。塩基配列決定を行い、それぞれのバージョンに対応した変異が導入されたクローンを選択した。こうして得られたプラスミドをhMBC1Lx λ /pUC19 (x = i, j, k, l, m, n, o) とし、このプラスミドをEcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpCOS1のEcoRI部位に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをhMBC1Lx λ /pCOS1 (x = i, j, k, l, m, n, o) と命名した。バージョン"j"、"l"、"m" および"o" の塩基配列(対応するアミノ酸を含む)をそれぞれ配列番号67、68、69、70に示す。また、これらの各バージョンのアミノ酸配列をそれぞれ配列番号48、49、50、51に示す。

【0153】

バージョン"p"、"q"、"r"、"s" および"t" は、バージョン"i"、"j"、"m"、"l" または"o" のアミノ酸配列の87位のチロシンをイソロイシンに置換したバージョンであり、FR3内にある制限酵素Aor51MI切断部位を利用して、バージョン"h" を、各バージョン"i"、"j"、"m"、"l" または"o" とつなぎ換えることにより作製したものである。すなわち、発現プラスミドhMBC1Lx λ /pCOS1 (x = i, j, m, l, o) 中、CDR3並びにFR3の一部及びFR4を含

むAor51HI断片514bpを除き、ここに発現プラスミドhMBC1Lh λ /pCOS1中、CDR3並びにFR3の一部及びFR4を含むAor51HI断片514bpをつなぐことにより91位(Kabatの規定によるアミノ酸番号87位)のチロシンがイソロイシンとなるようにした。塩基配列決定を行い、各バージョン"i"、"j"、"m"、"l" および"o" の91位(Kabatの規定によるアミノ酸番号87位)のチロシンがイソロイシンに置換されたクローンを選択し、対応するバージョンをそれぞれ"p"、"q"、"s"、"r" および"t" とし、得られたプラスミドをhMBC1Lx λ /pCOS1 (x = p, q, s, r, t) と命名した。バージョン"q"、"r"、"s" および"t" の塩基配列(対応するアミノ酸を含む)をそれぞれ配列番号71、72、73、74に示す。また、これらの各バージョンのアミノ酸配列をそれぞれ配列番号52、53、54、55に示す。

【0154】

プラスミドhMBC1Lq λ /pCOS1をHindIIIおよびEcoRIで消化し、HindIIIおよびEcoRIで消化したプラスミドpUC19にサブクローニングし、プラスミドhMBC1Lq λ /pUC19と命名した。

ヒト型化L鎖の各バージョンにおける置換アミノ酸の位置を表2に示す。

【0155】

【表 2】

配列表におけるアミノ酸の位置

(Kabatの規定によるアミノ酸番号)

バージョン 36 43 45 47 49 80 87

a	b	P	D	P	I
c					I
d					I
e		P	D	P	I
f					
g	Y				I
h	Y				
i	Y	K			
j	Y	K	D		
k	Y	K	V		
l	Y	K	V	D	
m	Y			D	
n	Y		V	D	
o	Y		V	D	
p	Y	K		D	I
q	Y	K		D	I
r	Y			D	I
s	Y	K	V	D	I
t	Y		V	D	I

【0156】

表中、Yはチロシン、Pはプロリン、Kはリジン、Vはバリン、Dはアスパラギン酸、Iはイソロイシンを示す。

なお、前記プラスミドhMBC1HcDNA/pUC19およびhMBC1Lqλ/pUC19を有する大腸菌はEscherichia coli JM109(hMBC1HcDNA/pUC19)および Escherichia coli JM109(hMBC1Lqλ/pUC19)として、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日に、Escherichia coli JM109 (hMBC1HcDNA/pUC19)についてはFERM BP-5629、Escherichia coli JM109 (hMBC1Lqλ/pUC19)についてはFERM BP-5630としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

【0157】

(5) COS-7細胞へのトランスフェクション

ハイブリッド抗体およびヒト型化#23-57-137-1抗体の抗原結合活性および中和活性を評価するため、前記発現プラスミドをCOS-7細胞で一過性に発現させた。すなわちL鎖ハイブリッド抗体の一過性発現では、プラスミドhMBC1HcDNA/pCOS

1とh/mMBC1L(λ)/neo、hMBC1HcDNA/pCOS1とm/hMBC1La λ /neo、hMBC1HcDNA/pCOS1とm/hMBC1Ld λ /neo、hMBC1HcDNA/pCOS1とhmmMBC1L(λ)/neo、またはhMBC1HcDNA/pCOS1とmhmMBC1L(λ)/neoとの組み合わせを、Gene Pulser装置(Bio Rad)を用いてエレクトロポレーションによりCOS-7細胞に同時形質導入した。PBS(-)中に 1×10^7 細胞/mlの細胞濃度で懸濁されているCOS-7細胞0.8mlに、各プラスミドDNA $10 \mu\text{g}$ を加え、1,500V、 $25 \mu\text{F}$ の静電容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を2%のUltra-Low IgGウシ胎児血清(GIBCO)を含有するDMEM培養液(GIBCO)に懸濁し、10cm培養皿を用いてCO₂ インキュベーターにて培養した。72時間の培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、ELISAの試料に供した。

【0158】

ヒト型化#23-57-137-1抗体の一過性発現では、プラスミドhMBC1HcDNA/pCOS1とhMBC1Lx λ /pCOS1 ($x = a \sim t$) のいずれかの組み合わせをGene Pulser装置(Bio Rad)を用いて、前記ハイブリッド抗体の場合と同様の方法によりCOS-7細胞にトランスフェクションし、得られた培養上清をELISAに供した。

また、COS-7細胞の培養上清からのハイブリッド抗体またはヒト型化抗体の精製は、AffiGel Protein A MAPSIIキット(BioRad)を用いて、キット添付の処方に従って行った。

【0159】

(6) ELISA

(i) 抗体濃度の測定

抗体濃度測定のためのELISAプレートを次のようにして調製した。ELISA用96穴プレート(Maxisorp, NUNC)の各穴を固相化バッファー(0.1M NaHCO₃、0.02% NaN₃)で $1 \mu\text{g/ml}$ の濃度に調製したヤギ抗ヒトIgG抗体(TAGO)100 μl で固相化し、200 μl の希釈バッファー(50mM Tris-HCl、1mM MgCl₂、0.1M NaCl、0.05% Tween20、0.02% NaN₃、1%牛血清アルブミン(BSA)、pH7.2)でブロッキングの後、ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を発現させたCOS-7細胞の培養上清あるいは精製ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を段階希釈して各穴に加えた。1時間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結

合ヤギ抗ヒトIgG抗体(TAGO)100 μ lを加えた。1時間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1mg/mlの基質溶液(Sigma104、p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA)を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー(Bio Rad)で測定した。濃度測定のスランダーとして、Hu IgG1 λ Purified(The Binding Site)を用いた。

【0160】

(ii)抗原結合能の測定

抗原結合測定のためのELISAプレートを、次のようにして調製した。ELISA用96穴プレートの各穴を固相化バッファーで1 μ g/mlの濃度に調製したヒトPTHrP(1-34) 100 μ lで固相化した。200 μ lの希釈バッファーでブロッキングの後、ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を発現させたCOS-7細胞の培養上清あるいは精製ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を段階希釈して各穴に加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結合ヤギ抗ヒトIgG抗体(TAGO) 100 μ lを加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1 mg/mlの基質溶液(Sigma104、p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA)を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー(Bio Rad)で測定した。

【0161】

(7) 活性確認

(i) ヒト型化H鎖の評価

ヒト型化H鎖バージョン" a"とキメラL鎖を組み合わせた抗体は、キメラ抗体とPTHrP結合能が同等であった。この結果は、H鎖V領域のヒト型化はバージョン" a"で十分なことを示す。以下、ヒト型化H鎖バージョン" a"をヒト型化抗体のH鎖として供した。

【0162】

(ii)ハイブリッド抗体の活性

(ii-a) FR 1, 2 / FR 3, 4ハイブリッド抗体

L鎖がh/mMBC1L(λ)の場合、活性は全く認められなかったが、m/hMBC1La λ あるいはm/hMBC1Ld λ の場合はいずれもキメラ#23-57-137-1抗体と同等の結合活性を示した。これらの結果は、FR3,4はヒト型化抗体として問題ないが、FR1,2内に

置換すべきアミノ酸残基が存在することを示唆する。

(ii-b) FR 1 / FR 2 ハイブリッド抗体

L鎖がmhmMBC1L(λ)の場合、活性は全く認められなかったが、hmmMBC1L(λ)の場合はキメラ#23-57-137-1抗体と同等の結合活性を示した。これらの結果は、FR 1, 2のうちFR1はヒト型化抗体として問題ないが、FR2内に置換すべきアミノ酸残基が存在することを示唆する。

【0163】

(iii) ヒト型化抗体の活性

L鎖としてバージョン" a " から" t " の各々一つを用いたヒト型化抗体について、抗原結合活性を測定した。その結果、L鎖バージョン" j "、" l "、" m "、" o "、" q "、" r "、" s "、" t " を有するヒト型化抗体はキメラ抗体と同等のPTHrP結合能を示した。

【0164】

(8) CHO安定産生細胞株の樹立

ヒト型化抗体の安定産生細胞株を樹立するため、前記発現プラスミドをCHO細胞(DXB11)に導入した。

すなわちヒト型化抗体の安定産生細胞株樹立は、CHO細胞用発現プラスミドhMBC1HcDNA/pCHO1とhMBC1Lm λ /pCOS1またはhMBC1HcDNA/pCHO1とhMBC1Lq λ /pCOS1あるいはhMBC1HcDNA/pCHO1とhMBC1Lr λ /pCOS1の組み合わせで、Gene Pulser装置(Bio Rad)を用いてエレクトロポレーションによりCHO細胞に同時形質導入した。それぞれの発現ベクターを制限酵素PvuIで切断して直鎖DNAにし、フェノールおよびクロロホルム抽出後、エタノール沈殿でDNAを回収し、エレクトロポレーションに用いた。PBS(-)中に 1×10^7 細胞/mlの細胞濃度で懸濁されているCHO細胞0.8 mlに、各プラスミドDNA 10 μ gを加え、1,500V, 25 μ Fの静電容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を10%ウシ胎児血清(GIBCO)添加、MEM- α 培地(GIBCO)に懸濁し、96穴プレート(Falcon)を用いてCO₂ インキュベーターにて培養した。培養開始翌日に、10%ウシ胎児血清(GIBCO)および500mg/mlのGENETICIN (G418 Sulfate, GIBCO) 添加、リボヌクレオシドおよびデオキシリボヌクレオシド不含MEM- α 培地(GIBCO)の選択

培地に交換し、抗体遺伝子の導入された細胞を選択した。選択培地交換後、2週間前後に顕微鏡下で細胞を観察し、順調な細胞増殖が認められた後に、上記抗体濃度測定ELISAにて抗体産生量を測定し、抗体産生能の高い細胞を選別した。

【0165】

樹立した抗体の安定産生細胞株の培養を拡大し、ローラボトルにて2%のUltra Low IgGウシ胎児血清添加、リボヌクレオシドおよびデオキシリボヌクレオシド不含MEM- α 培地を用いて、大量培養を行った。培養3ないし4日目に培養上清を回収し、0.2 μ mのフィルター (Millipore) により細胞破片を除去した。

CHO細胞の培養上清からのヒト型化抗体の精製は、POROSプロテインAカラム (PerSeptive Biosystems) を用いて、ConSep LC100 (Millipore) にて添付の処方に従って行い、中和活性の測定および高カルシウム血症モデル動物での薬効試験に供した。得られた精製ヒト型化抗体の濃度および抗原結合活性は、上記ELISA系にて測定した。

【0166】

〔参考例5〕中和活性の測定

マウス抗体、キメラ抗体およびヒト型化抗体の中和活性の測定は、ラット骨肉腫細胞株ROS17/2.8-5細胞を用いて行った。すなわち、ROS17/2.8-5細胞を、10%牛胎児血清(GIBCO)を含むHam's F-12培地(GIBCO) 中にて、CO₂ インキュベーターで培養した。ROS17/2.8-5細胞を96穴プレートに104細胞/100 μ l/穴で蒔込み1日間培養し、4mMのHydrocortisoneと10%牛胎児血清を含むHam's F-12培地(GIBCO)に交換する。さらに3ないし4日間培養した後、260 μ lのHam's F-12培地(GIBCO)にて洗浄し、1mMのイソブチル-1-メチルキサンチン(IBMx, SIGMA)および10%の牛胎児血清と10mMのHEPESを含む80 μ lのHam's F-12を加え、30分間37℃でインキュベートした。

【0167】

中和活性を測定するマウス抗体、キメラ抗体またはヒト型化抗体を、あらかじめ10 μ g/ml、3.3 μ g/ml、1.1 μ g/mlおよび0.37 μ g/mlの群、10 μ g/ml、2 μ g/ml、0.5 μ g/mlおよび0.01 μ g/mlの群、または10 μ g/ml、5 μ g/ml、1.25 μ g/ml、0.63 μ g/mlおよび0.31 μ g/mlの群に段階希釈し、4ng/mlに調製したPTHrP(1-34)と

等量混合し、各抗体とPTHrP(1-34)の混合液80 μ lを各穴に添加した。各抗体の最終濃度は上記抗体濃度の4分の1になり、PTHrP(1-34)の濃度は1 ng/mlになる。10分間室温にて処理した後、培養上清を捨て、PBSにて3回洗浄したした後、100 μ lの0.3%塩酸95%エタノールにて細胞内のcAMPを抽出する。水流アスピレーターにて塩酸エタノールを蒸発させ、cAMP EIA kit(CAYMAN CHEMICAL'S)付属のEIAバッファー120 μ lを添加しcAMPを抽出後、cAMP EIA kit(CAYMAN CHEMICAL'S)添付の処方に従ってcAMPを測定した。その結果、キメラ抗体と同等の抗原結合を有するL鎖バージョンのうち、91位のチロシンをイソロイシンに置換したバージョン"q"、"r"、"s"、"t"を有するヒト型化抗体がキメラ抗体に近い中和能を示し、その中でも、バージョン"q"がもっとも強い中和能を示した。

【0168】

【発明の効果】

本発明により、副甲状腺ホルモン関連ペプチドとその受容体との結合を阻害する物質を有効成分として含有する悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼ治療剤が提供される。

上記物質は、悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症モデル動物での薬効試験において、血中カルシウム濃度を対照薬投与群または溶媒投与の対照群と比較して即効的、かつ持続的に作用することから、緊急処置を必要とする悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼの治療剤として有用である。

【0169】

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

AAATAGCCCT TGACCAGGCA

【0170】

配列番号：2
配列の長さ：38
配列の型：核酸
鎖の数：一本鎖
トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTGGTTCGGC CCACCTCTGA AGGTTCCAGA ATCGATAG

38

【0171】

配列番号：3
配列の長さ：28
配列の型：核酸
鎖の数：一本鎖
トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GGATCCCGGG CCAGTGGATA GACAGATG

28

【0172】

配列番号：4
配列の長さ：29
配列の型：核酸
鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GGATCCCGGG TCAGRGAAG GTGGRAACA

29

【0173】

配列番号：5

配列の長さ：17

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTTTTCCCAG TCACGAC

17

【0174】

配列番号：6

配列の長さ：17

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CAGGAAACAG CTATGAC

17

【0175】

配列番号：7

配列の長さ：31

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTAAGCTT CCACCATGAA ACTTCGGGCT C

31

【0176】

配列番号：8

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TGTTGGATCC CTGCAGAGAC AGTGACCAGA

30

【0177】

配列番号：9

配列の長さ：36

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTGAATTC AAGCTTCCAC CATGGGGTTT GGGCTG

36

【0178】

配列番号：10

配列の長さ：41

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TTTCCCGGGC CCTTGGTGGA GGCTGAGGAG ACGGTGACCA G

41

【0179】

配列番号：11

配列の長さ：109

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTGAATTC AAGCTTAGTA CTTGGCCAGC CCAAGGCCAA CCCCACGGTC ACCCTGTTCC 60
CGCCCTCCTC TGAGGAGCTC CAAGCCAACA AGGCCACACT AGTGTGTCT 109

【0180】

配列番号：12

配列の長さ：110

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GGTTTGGTGG TCTCCACTCC CGCCTTGACG GGGCTGCCAT CTGCCTTCCA GGCCACTGTC 60
ACAGCTCCCG GGTAGAAGTC ACTGATCAGA CACACTAGTG TGGCCTTGTT 110

【0181】

配列番号：13

配列の長さ：98

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GGAGTGGAGA CCACCAAACC CTCCAAACAG AGCAACAACA AGTACGCGGC CAGCAGCTAC 60
CTGAGCCTGA CGCCCGAGCA GTGGAAGTCC CACAGAAG 98

【0182】

配列番号：14

配列の長さ：106

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TGTTGAATTC TTACTATGAA CATTCTGTAG GGGCCACTGT CTTCTCCACG GTGCTCCCTT 60
CATGCGTGAC CTGGCAGCTG TAGCTTCTGT GGGACTTCCA CTGCTC 106

【0183】

配列番号：15

配列の長さ：43

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTGAATTC AAGCTTAGTA CTTGGCCAGC CCAAGGCCAA CCC 43

【0184】

配列番号：16

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TGTTGAATTC TTACTATGAA 20

【0185】

配列番号：17

配列の長さ：39

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CAACAAGTAC GCGGCCAGCA GCTACCTGAG CCTGACGCC

39

【0186】

配列番号：18

配列の長さ：39

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTAGCTGCTG GCCGCGTACT TGTTGTTGCT CTGTTTGGA

39

【0187】

配列番号：19

配列の長さ：46

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTGAATTC AAGCTTAGTC CTAGGTCGAA CTGTGGCTGC ACCATC

46

【0188】

配列番号：20

配列の長さ：34

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TGTTGAATTC TTACTAACAC TCTCCCCTGT TGAA

34

【0189】

配列番号：21

配列の長さ：35

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTAAGCTT CCACCATGGC CTGGACTCCT CTCTT

35

【0190】

配列番号：22

配列の長さ：48

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TGTTGAATTC AGATCTAACT ACTTACCTAG GACAGTGACC TTGGTCCC

48

【0191】

配列番号：23

配列の長さ：128

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTAAGCTT CCACCATGGG GTTTGGGCTG AGCTGGGTTT TCCTCGTTGC TCTTTTAAGA 60

GGTGTCCAGT GTCAGGTGCA GCTGGTGGAG TCTGGGGGAG GCGTGGTCCA GCCTGGGAGG 120

TCCCTGAG

【0192】

配列番号：24

配列の長さ：125

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

ACCATTAGTA GTGGTGGTAG TTACACCTAC TATCCAGACA GTGTGAAGGG GCGATTCACC	60
ATCTCCAGAG ACAATTCCAA GAACACGCTG TATCTGCAA TGAACAGCCT GAGAGCTGAG	120
GACAC	125

【0193】

配列番号：25

配列の長さ：132

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTACCACCAC TACTAATGGT TGCCACCCAC TCCAGCCCCT TGCCTGGAGC CTGGCGGACC	60
CAAGACATGC CATAGCTACT GAAGGTGAAT CCAGAGGCTG CACAGGAGAG TCTCAGGGAC	120
CTCCCAGGCT GG	132

【0194】

配列番号：26

配列の長さ：110

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TGTTGGATCC CTGAGGAGAC GGTGACCAGG GTTCCCTGGC CCCAGTAAGC AAAGTAAGTC 60
 ATAGTAGTCT GTCTCGCACA GTAATACACA GCCGTGTCCT CAGCTCTCAG 110

【0195】

配列番号：27

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GTCTAAGCTT CCACCATGGG GTTTGGGCTG 30

【0196】

配列番号：28

配列の長さ：30

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

TGTTGGATCC CTGAGGAGAC GGTGACCAGG 30

【0197】

配列番号：29

配列の長さ：133

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

ACAAAGCTTC CACCATGGCC TGGACTCCTC TCTTCTTCTT CTTTGTTCTT CATTGCTCAG 60
GTTCTTTCTC CCAGCTTGTG CTGACTCAAT CGCCCTCTGC CTCTGCCTCC CTGGGAGCCT 120
CGGTCAAGCT CAC 133

【0198】

配列番号：30

配列の長さ：118

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

AGCAAGATGG AAGCCACAGC ACAGGTGATG GGATTCTCTGA TCGCTTCTCA GGCTCCAGCT 60
CTGGGGCTGA GCGCTACCTC ACCATCTCCA GCCTCCAGTC TGAGGATGAG GCTGACTA 118

【0199】

配列番号：31

配列の長さ：128

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTGTGGCTTC CATCTTGCTT AAGTTTCATC AAGTACCGAG GGCCCTTCTC TGGCTGCTGC 60
TGATGCCATT CAATGGTGTA CGTACTGTGC TGACTACTCA AGGTGCAGGT GAGCTTGACC 120
GAGGCTCC 128

【0200】

配列番号：32

配列の長さ：114

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTTGGATCCG GGCTGACCTA GGACGGTCAG TTTGGTCCCT CCGCCGAACA CCCTCACAAA 60

TTGTTTCCTTA ATTGTATCAC CCACACCACA GTAATAGTCA GCCTCATCCT CAGA 114

【0201】

配列番号：33

配列の長さ：17

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

ACAAAGCTTC CACCATG 17

【0202】

配列番号：34

配列の長さ：19

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTTGGATCCG GGCTGACCT

19

【0203】

配列番号：35

配列の長さ：75

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTTGGATCCG GGCTGACCTA GGACGGTCAG TTTGGTCCCT CCGCCGAACA CGTACACAAA 60

TTGTTCTTA ATTGT 75

【0204】

配列番号：36

配列の長さ：43

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

AAAGGATCCT TAAGATCCAT CAAGTACCGA GGGGGCTTCT CTG 43

【0205】

配列番号：37

配列の長さ：46

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

ACAAAGCTTA GCGCTACCTC ACCATCTCCA GCCTCCAGCC TGAGGA 46

【0206】

配列番号：38

配列の長さ：111

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTTGGATCCG GGCTGACCTA GGACGGTCAG TTTGGTCCCT CCGCCGAACA CGTACACAAA 60
TTGTTCTTA ATTGTATCAC CCACACCACA GATATAGTCA GCCTCATCCT C 111

【0207】

配列番号：39

配列の長さ：42

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CTTCTCTGGC TGCTGCTGAT ACCATTCAAT GGTGTACGTA CT 42

【0208】

配列番号：40

配列の長さ：26

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CGAGGGCCCT TCTCTGGCTG CTGCTG 26

【0209】

配列番号：41

配列の長さ：35

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GAGAAGGGCC CTARGTACST GATGRAWCTT AAGCA

35

【0210】

配列番号：42

配列の長さ：35

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

CACGAATTCA CTATCGATTG TGGAACCTTC AGAGG

35

【0211】

配列番号：43

配列の長さ：18

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GGCTTGAGC TCCTCAGA

18

【0212】

配列番号：44

配列の長さ：20

配列の型：核酸

鎖の数：一本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：他の核酸（合成DNA）

配列：

GACAGTGGTT CAAAGTTTTT

20

【0213】

配列番号：45

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln	Leu	Val	Leu	Thr	Gln	Ser	Ser	Ser	Ala	Ser	Phe	Ser	Leu	Gly
1				5					10					15
Ala	Ser	Ala	Lys	Leu	Thr	Cys	Thr	Leu	Ser	Ser	Gln	His	Ser	Thr
				20					25					30
Tyr	Thr	Ile	Glu	Trp	Tyr	Gln	Gln	Gln	Pro	Leu	Lys	Pro	Pro	Lys
				35					40					45
Tyr	Val	Met	Asp	Leu	Lys	Gln	Asp	Gly	Ser	His	Ser	Thr	Gly	Asp
				50					55					60
Gly	Ile	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Ala	Asp	Arg
				65					70					75
Tyr	Leu	Ser	Ile	Ser	Asn	Ile	Gln	Pro	Glu	Asp	Glu	Ala	Met	Tyr
				80					85					90
Ile	Cys	Gly	Val	Gly	Asp	Thr	Ile	Lys	Glu	Gln	Phe	Val	Tyr	Val
				95					100					105
Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Val	Thr	Val	Leu	Gly	Gln	Pro		
				110					115					

【0214】

配列番号：46

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro Gly

1 5 10 15

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser

20 25 30

Ser Tyr Gly Met Ser Trp Ile Arg Gln Thr Pro Asp Lys Arg Leu

35 40 45

Glu Trp Val Ala Thr Ile Ser Ser Gly Gly Ser Tyr Thr Tyr Tyr

50 55 60

Pro Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala

65 70 75

Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Ser Glu Asp

80 85 90

Thr Ala Met Phe Tyr Cys Ala Arg Gln Thr Thr Met Thr Tyr Phe

95 100 105

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala

110 115

【0215】

配列番号：47

配列の長さ：116

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr

20 25 30

Tyr Thr Ile Glu Trp His Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg

35	40	45
Tyr Leu Met Lys Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp		
50	55	60
Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg		
65	70	75
Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr		
80	85	90
Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val		
95	100	105
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly		
110	115	

【0216】

配列番号：48

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly		
1	5	10
Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr		
20	25	30
Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys		
35	40	45
Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp		
50	55	60
Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg		
65	70	75
Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr		

80	85	90
Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val		
95	100	105
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro		
110	115	

【0217】

配列番号：49

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly		
1	5	10
Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr		
20	25	30
Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys		
35	40	45
Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp		
50	55	60
Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg		
65	70	75
Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr		

80	85	90
Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val		
95	100	105
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro		
110	115	

【0218】

配列番号：50

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln	Leu	Val	Leu	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser	Ala	Ser	Leu	Gly
1				5					10					15
Ala	Ser	Val	Lys	Leu	Thr	Cys	Thr	Leu	Ser	Ser	Gln	His	Ser	Thr
				20					25					30
Tyr	Thr	Ile	Glu	Trp	Tyr	Gln	Gln	Gln	Pro	Glu	Lys	Gly	Pro	Arg
				35					40					45
Tyr	Leu	Met	Asp	Leu	Lys	Gln	Asp	Gly	Ser	His	Ser	Thr	Gly	Asp
				50					55					60
Gly	Ile	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Ala	Glu	Arg
				65					70					75
Tyr	Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Ser	Glu	Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr
				80					85					90
Tyr	Cys	Gly	Val	Gly	Asp	Thr	Ile	Lys	Glu	Gln	Phe	Val	Tyr	Val
				95					100					105
Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu	Gly	Gln	Pro		
				110					115					

【0219】

配列番号：51

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln	Leu	Val	Leu	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser	Ala	Ser	Leu	Gly
1				5					10					15
Ala	Ser	Val	Lys	Leu	Thr	Cys	Thr	Leu	Ser	Ser	Gln	His	Ser	Thr
				20					25					30
Tyr	Thr	Ile	Glu	Trp	Tyr	Gln	Gln	Gln	Pro	Glu	Lys	Gly	Pro	Arg
				35					40					45
Tyr	Val	Met	Asp	Leu	Lys	Gln	Asp	Gly	Ser	His	Ser	Thr	Gly	Asp
				50					55					60
Gly	Ile	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Ala	Glu	Arg
				65					70					75
Tyr	Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Ser	Glu	Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr
				80					85					90
Tyr	Cys	Gly	Val	Gly	Asp	Thr	Ile	Lys	Glu	Gln	Phe	Val	Tyr	Val
				95					100					105
Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu	Gly	Gln	Pro		
				110					115					

【0220】

配列番号：52

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln	Leu	Val	Leu	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser	Ala	Ser	Leu	Gly
1				5					10					15
Ala	Ser	Val	Lys	Leu	Thr	Cys	Thr	Leu	Ser	Ser	Gln	His	Ser	Thr
				20					25					30
Tyr	Thr	Ile	Glu	Trp	Tyr	Gln	Gln	Gln	Pro	Glu	Lys	Gly	Pro	Lys

35	40	45
Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp		
50	55	60
Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg		
65	70	75
Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr		
80	85	90
Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val		
95	100	105
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro		
110	115	

【0221】

配列番号：53

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly		
1	5	10
15		
Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr		
20	25	30
Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg		
35	40	45
Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp		
50	55	60
Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg		
65	70	75
Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr		

80	85	90
Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val		
95	100	105
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro		
110	115	

【0222】

配列番号：54

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15
Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr
20 25 30
Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys
35 40 45
Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp
50 55 60
Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg
65 70 75
Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr

80	85	90
Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val		
95	100	105
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro		
110	115	

【0223】

配列番号：55

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln	Leu	Val	Leu	Thr	Gln	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser	Ala	Ser	Leu	Gly
1				5					10					15
Ala	Ser	Val	Lys	Leu	Thr	Cys	Thr	Leu	Ser	Ser	Gln	His	Ser	Thr
				20					25					30
Tyr	Thr	Ile	Glu	Trp	Tyr	Gln	Gln	Gln	Pro	Glu	Lys	Gly	Pro	Arg
				35					40					45
Tyr	Val	Met	Asp	Leu	Lys	Gln	Asp	Gly	Ser	His	Ser	Thr	Gly	Asp
				50					55					60
Gly	Ile	Pro	Asp	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Ala	Glu	Arg
				65					70					75
Tyr	Leu	Thr	Ile	Ser	Ser	Leu	Gln	Ser	Glu	Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr
				80					85					90
Ile	Cys	Gly	Val	Gly	Asp	Thr	Ile	Lys	Glu	Gln	Phe	Val	Tyr	Val
				95					100					105
Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Thr	Val	Leu	Gly	Gln	Pro		
				110					115					

【0224】

配列番号：56

配列の長さ：118

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：タンパク質

配列：

Gln	Val	Gln	Leu	Val	Glu	Ser	Gly	Gly	Gly	Val	Val	Gln	Pro	Gly
1				5						10				15
Arg	Ser	Leu	Arg	Leu	Ser	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe	Ser
				20						25				30
Ser	Tyr	Gly	Met	Ser	Trp	Val	Arg	Gln	Ala	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu
				35						40				45
Glu	Trp	Val	Ala	Thr	Ile	Ser	Ser	Gly	Gly	Ser	Tyr	Thr	Tyr	Tyr
				50						55				60
Pro	Asp	Ser	Val	Lys	Gly	Arg	Phe	Thr	Ile	Ser	Arg	Asp	Asn	Ser
				65						70				75
Lys	Asn	Thr	Leu	Tyr	Leu	Gln	Met	Asn	Ser	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp
				80						85				90
Thr	Ala	Val	Tyr	Tyr	Cys	Ala	Arg	Gln	Thr	Thr	Met	Thr	Tyr	Phe
				95						100				105
Ala	Tyr	Trp	Gly	Gln	Gly	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ser	Ser		
				110						115				

【0225】

配列番号：57

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG	AAC	TTC	GGG	CTC	AGC	TTG	ATT	TTC	CTT	GCC	CTC	ATT	TTA	AAA	45
Met	Asn	Phe	Gly	Leu	Ser	Leu	Ile	Phe	Leu	Ala	Leu	Ile	Leu	Lys	
				-15						-10				-5	
GGT	GTC	CAG	TGT	GAG	GTG	CAA	CTG	GTG	GAG	TCT	GGG	GGA	GAC	TTA	90

Gly Val Gln Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu

1 5 10

GTG AAG CCT GGA GGG TCC CTG AAA CTC TCC TGT GCA GCC TCT GGA 135

Val Lys Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly

15 20 25

TTC ACT TTC AGT AGC TAT GGC ATG TCT TGG ATT CGC CAG ACT CCA 180

~~Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met Ser Trp Ile Arg Gln Thr Pro~~

30 35 40

GAC AAG AGG CTG GAG TGG GTC GCA ACC ATT AGT AGT GGT GGT AGT 225

Asp Lys Arg Leu Glu Trp Val Ala Thr Ile Ser Ser Gly Gly Ser

45 50 55

TAC ACC TAC TAT CCA GAC AGT GTG AAG GGG CGA TTC ACC ATC TCC 270

Tyr Thr Tyr Tyr Pro Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser

60 65 70

AGA GAC AAT GCC AAG AAC ACC CTA TAC CTG CAA ATG AGC AGT CTG 315

Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu

75 80 85

AAG TCT GAG GAC ACA GCC ATG TTT TAC TGT GCA AGA CAG ACT ACT 360

Lys Ser Glu Asp Thr Ala Met Phe Tyr Cys Ala Arg Gln Thr Thr

90 95 100

ATG ACT TAC TTT GCT TAC TGG GGC CAA GGG ACT CTG GTC ACT GTC 405

Met Thr Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

105 110 115

~~TCT GCA 411~~

Ser Ala

【0226】

配列番号：58

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GGG TTT GGG CTG AGC TGG GTT TTC CTC GTT GCT CTT TTA AGA 45

Met Gly Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Leu Leu Arg

15

-10

-5

GGT GTC CAG TGT CAG GTG CAG CTG GTG GAG TCT GGG GGA GGC GTG 90

Gly Val Gln Cys Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val

1

5

10

GTC CAG CCT GGG AGG TCC CTG AGA CTC TCC TGT GCA GCC TCT GGA 135

Val Gln Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly

15

20

25

TTC ACC TTC AGT AGC TAT GGC ATG TCT TGG GTC CGC CAG GCT CCA 180

Phe Thr Phe Ser Ser Tyr Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro

30

35

40

GGC AAG GGG CTG GAG TGG GTG GCA ACC ATT AGT AGT GGT GGT AGT 225

Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Thr Ile Ser Ser Gly Gly Ser

45

50

55

TAC ACC TAC TAT CCA GAC AGT GTG AAG GGG CGA TTC ACC ATC TCC 270

Tyr Thr Tyr Tyr Pro Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser

60

65

70

AGA GAC AAT TCC AAG AAC ACG CTG TAT CTG CAA ATG AAC AGC CTG 315

~~Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu~~

75

80

85

AGA GCT GAG GAC ACG GCT GTG TAT TAC TGT GCG AGA CAG ACT ACT 360

Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gln Thr Thr

90

95

100

ATG ACT TAC TTT GCT TAC TGG GGC CAG GGA ACC CTG GTC ACC GTC 405

Met Thr Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

105

110

115

TCC TCA 411

Ser Ser

【0227】

配列番号：59

配列の長さ：11

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Lys Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala Val Ala

1

5

10

【0228】

配列番号：60

配列の長さ：7

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1

5

【0229】

配列番号：61

配列の長さ：9

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr

1 5

【0230】

配列番号：62

配列の長さ：5

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Pro Tyr Trp Met Gln

1 5

【0231】

配列番号：63

配列の長さ：16

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Ser Ile Phe Gly Asp Gly Asp Thr Arg Tyr Ser Gln Lys Phe Lys Gly

1 5 10 15

【0232】

配列番号：64

配列の長さ：11

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Gly Leu Arg Arg Gly Gly Tyr Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

【0233】

配列番号：65

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA	45
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser	
-15 -10 -5	
GGT TCT TTC TCC CAA CTT GTG CTC ACT CAG TCA TCT TCA GCC TCT	90
Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Ser Ser Ala Ser	
1 5 10	
TTC TCC CTG GGA GCC TCA GCA AAA CTC ACG TGC ACC TTG AGT AGT	135
Phe Ser Leu Gly Ala Ser Ala Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser	
15 20 25	
CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAA CAG CCA CTC	180
Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Leu	
30 35 40	
AAG CCT CCT AAG TAT GTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC	225
Lys Pro Pro Lys Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His	
45 50 55	
AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCT GGA TCC AGC TCT	270
Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser	
60 65 70	
GGT GCT GAT CGC TAC CTT AGC ATT TCC AAC ATC CAG CCA GAA GAT	315
Gly Ala Asp Arg Tyr Leu Ser Ile Ser Asn Ile Gln Pro Glu Asp	
75 80 85	

GAA GCA ATG TAC ATC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA 360

Glu Ala Met Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln

90

95

100

TTT GTG TAT GTT TTC GGC GGT GGG ACC AAG GTC ACT GTC CTA GGT 405

Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Thr Val Leu Gly

105

110

115

~~CAG CCC 411~~

Gln Pro

【0234】

配列番号：66

配列の長さ：405

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA 45

Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser

-15

-10

-5

GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT 90

Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser

1

5

10

GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT 135

~~Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser~~

15

20

25

CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG CAT CAG CAG CAG CCA GAG 180

Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp His Gln Gln Gln Pro Glu

30

35

40

AAG GGC CCT CGG TAC TTG ATG AAA CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC 225

Lys Gly Pro Arg Tyr Leu Met Lys Leu Lys Gln Asp Gly Ser His

45

50

55

AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT 270

Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser

60

65

70

GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT 315

~~Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp~~

75

80

85

GAG GCT GAC TAT TAC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA 360

Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln

90

95

100

TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGT 405

Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

105

110

115

【0235】

配列番号：67

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA 45

~~Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser~~

-15

-10

-5

GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT 90

Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser

1

5

10

GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT 135

Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser	
15 20 25	
CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG	180
Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu	
30 35 40	
AAG GGC CCT AAG TAC CTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC	225
<hr/>	
Lys Gly Pro Lys Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His	
45 50 55	
AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT	270
Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser	
60 65 70	
GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT	315
Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp	
75 80 85	
GAG GCT GAC TAT TAC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA	360
Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln	
90 95 100	
TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC	405
Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly	
105 110 115	
CAG CCC	411
Gln Pro	

【 0 2 3 6 】

配列番号 : 6 8

配列の長さ : 4 1 1

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA	45
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser	
-15 -10 -5	
GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT	90
Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser	
1 5 10	
GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT	135
Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser	
15 20 25	
CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG	180
Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu	
30 35 40	
AAG GGC CCT AAG TAC GTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC	225
Lys Gly Pro Lys Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His	
45 50 55	
AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT	270
Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser	
60 65 70	
GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT	315
Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp	
75 80 85	
GAG GCT GAC TAT TAC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA	360
Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln	
90 95 100	
TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC	405
Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly	
105 110 115	
CAG CCC	411

Gln Pro

【0237】

配列番号：69

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA	45
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser	
-15 -10 -5	
GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT	90
Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser	
1 5 10	
GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT	135
Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser	
15 20 25	
CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG	180
Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu	
30 35 40	
AAG GGC CCT AGG TAC CTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC	225
Lys Gly Pro Arg Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His	
45 50 55	
AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT	270
Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser	
60 65 70	
GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT	315
Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp	

75	80	85	
GAG GCT GAC TAT TAC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA	360		
Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln			
90	95	100	
TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC	405		
Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly			

105	110	115
-----	-----	-----

CAG CCC 411

Gln Pro

【0238】

配列番号：70

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA	45
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser	

-15	-10	-5
-----	-----	----

GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT	90
Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser	

1	5	10
---	---	----

GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT	135
---	-----

Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser

15	20	25
----	----	----

CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG	180
Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu	

30	35	40
----	----	----

AAG GGC CCT AGG TAC GTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC 225

Lys Gly Pro Arg Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His

45

50

55

AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT 270

Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser

60

65

70

GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT 315

Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp

75

80

85

GAG GCT GAC TAT TAC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA 360

Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln

90

95

100

TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC 405

Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

105

110

115

CAG CCC 411

Gln Pro

【 0 2 3 9 】

配列番号 : 7 1

配列の長さ : 4 1 1

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : cDNA to mRNA

配列 :

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA 45

Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser

-15

-10

-5

GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT 90

Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser	
1 5 10	
GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT	135
Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser	
15 20 25	
CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG	180
<hr/>	
Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu	
30 35 40	
AAG GGC CCT AAG TAC CTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC	225
Lys Gly Pro Lys Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His	
45 50 55	
AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT	270
Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser	
60 65 70	
GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT	315
Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp	
75 80 85	
GAG GCT GAC TAT ATC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA	360
Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln	
90 95 100	
TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC	405
Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly	
105 110 115	

CAG CCC 411

Gln Pro

【0240】

配列番号：72

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA 45

Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser

-15 -10 -5

GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT 90

Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser

1 5 10

GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT 135

Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser

15 20 25

CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG 180

Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu

30 35 40

AAG GGC CCT AGG TAC CTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC 225

Lys Gly Pro Arg Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His

45 50 55

AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT 270

Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser

60 65 70

GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT 315

Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp

75 80 85

GAG GCT GAC TAT ATC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA 360

Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln

90 95 100

TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC 405

Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

105

110

115

CAG CCC 411

Gln Pro

【0241】

配列番号：73

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA 45

Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser

-15

-10

-5

GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT 90

Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser

1

5

10

GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT 135

Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser

15

20

25

CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG 180

Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu

30

35

40

AAG GGC CCT AAG TAC GTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC 225

Lys Gly Pro Lys Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His

45

50

55

AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT 270

Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser

60	65	70	
GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT	315		
Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp			
75	80	85	
GAG GCT GAC TAT ATC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA	360		
Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln			

90	95	100	
TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC	405		
Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly			
105	110	115	
CAG CCC	411		
Gln Pro			

【0242】

配列番号：74

配列の長さ：411

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

配列：

ATG GCC TGG ACT CCT CTC TTC TTC TTC TTT GTT CTT CAT TGC TCA	45
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser	

-15	-10	-5
-----	-----	----

GGT TCT TTC TCC CAG CTT GTG CTG ACT CAA TCG CCC TCT GCC TCT	90
Gly Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser	

1	5	10
---	---	----

GCC TCC CTG GGA GCC TCG GTC AAG CTC ACC TGC ACC TTG AGT AGT	135
Ala Ser Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser	

15	20	25
----	----	----

CAG CAC AGT ACG TAC ACC ATT GAA TGG TAT CAG CAG CAG CCA GAG 180
Gln His Ser Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu

30

35

40

AAG GGC CCT AGG TAC GTG ATG GAT CTT AAG CAA GAT GGA AGC CAC 225
Lys Gly Pro Arg Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His

45

50

55

AGC ACA GGT GAT GGG ATT CCT GAT CGC TTC TCA GGC TCC AGC TCT 270
Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser

60

65

70

GGG GCT GAG CGC TAC CTC ACC ATC TCC AGC CTC CAG TCT GAG GAT 315
Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp

75

80

85

GAG GCT GAC TAT ATC TGT GGT GTG GGT GAT ACA ATT AAG GAA CAA 360
Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln

90

95

100

TTT GTG TAC GTG TTC GGC GGA GGG ACC AAA CTG ACC GTC CTA GGC 405
Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly

105

110

115

CAG CCC 411

Gln Pro

【0243】

配列番号：75

配列の長さ：34

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：ペプチド

配列：

Ala Val Ser Glu His Gln Leu Leu His Asp Lys Gly Lys Ser Ile

1

5

10

15

Gln Asp Leu Arg Arg Arg Phe Phe Leu His His Leu Ile Ala Glu

20

25

30

Ile His Thr Ala

【図面の簡単な説明】

【図 1】

マウス抗 PTHrP 抗体の悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果（血中イオン化カルシウム濃度の推移）を示す図である。

【図 2】

マウス抗 PTHrP 抗体の悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果（体重変化）を示す図である。

【図 3】

ヒト型化抗 PTHrP 抗体の悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果（血中イオン化カルシウム濃度の推移）を示す図である。

【図 4】

ヒト型化抗 PTHrP 抗体の悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果（体重変化）を示す図である。

【図 5】

ヒト型化抗 PTHrP 抗体の悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果（血中イオン化カルシウム濃度の推移）を示す図である。

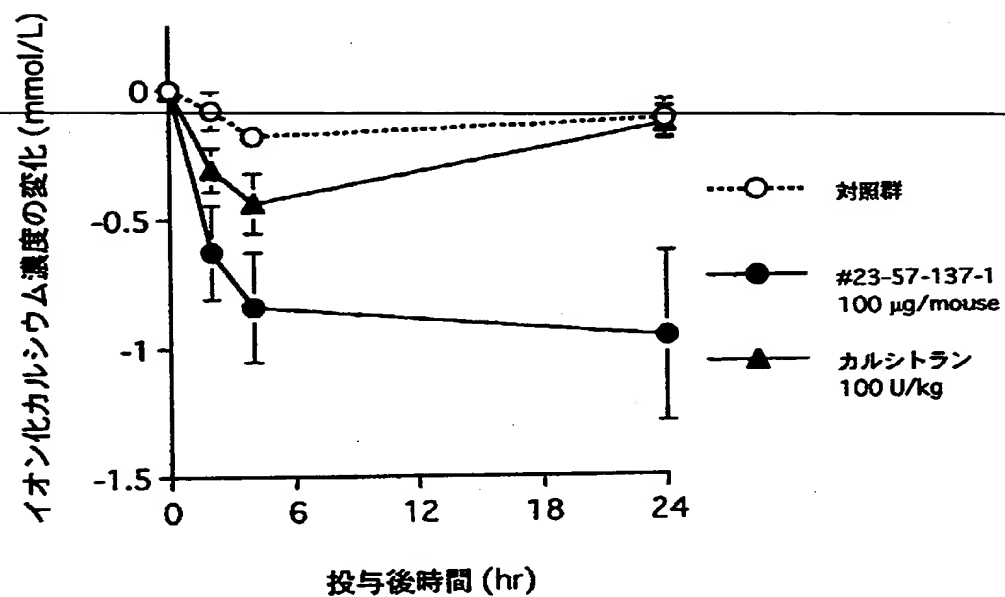
【図 6】

ヒト型化抗 PTHrP 抗体の悪性腫瘍に伴う高カルシウム血症クリーゼに対する治療効果（体重変化）を示す図である。

【書類名】 図面

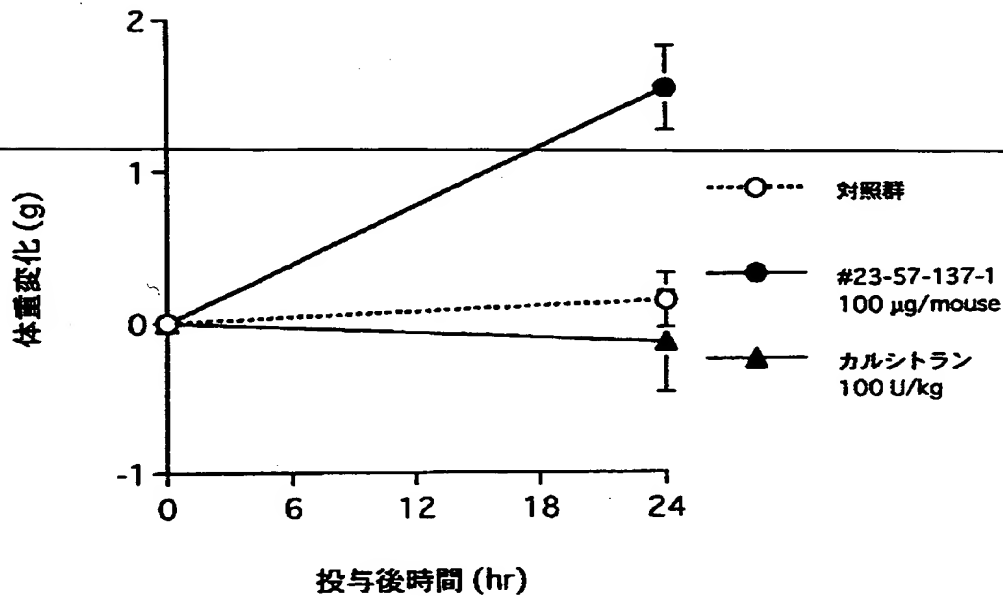
【図1】

マウス抗PTHrP抗体およびカルシトニンのヒト膀胱癌株
FA-6担癌高カルシウム血症モデルマウスでの薬効



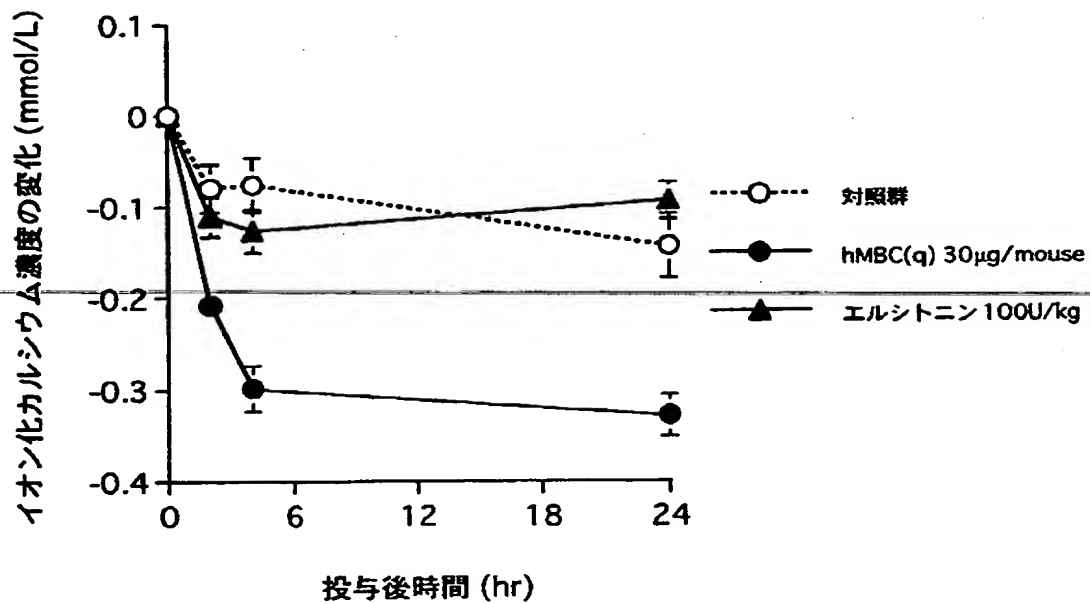
【図2】

マウス抗PTHrP抗体およびカルシトニンのヒト肺臓癌株
FA-6担癌高カルシウム血症モデルマウスでの薬効



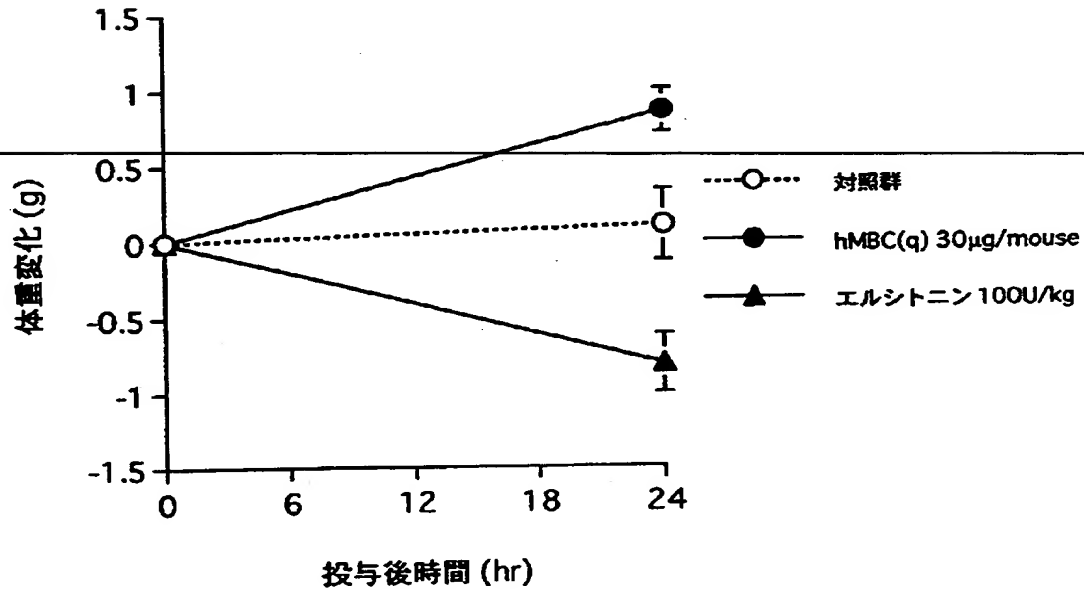
【図3】

ヒト型化抗PTHrP抗体およびカルシトニンのヒト肺癌株
LC-6-JCK担癌高カルシウム血症モデルマウスでの薬効



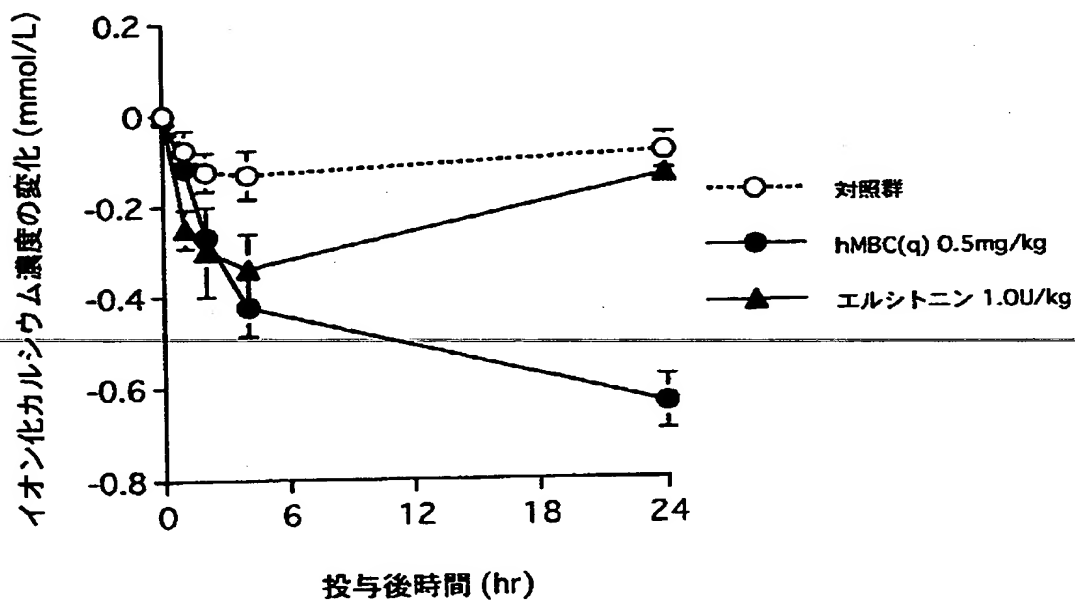
【図4】

ヒト型化抗PTHrP抗体およびカルシトニンのヒト肺癌株
LC-6-JCK担癌高カルシウム血症モデルマウスでの薬効



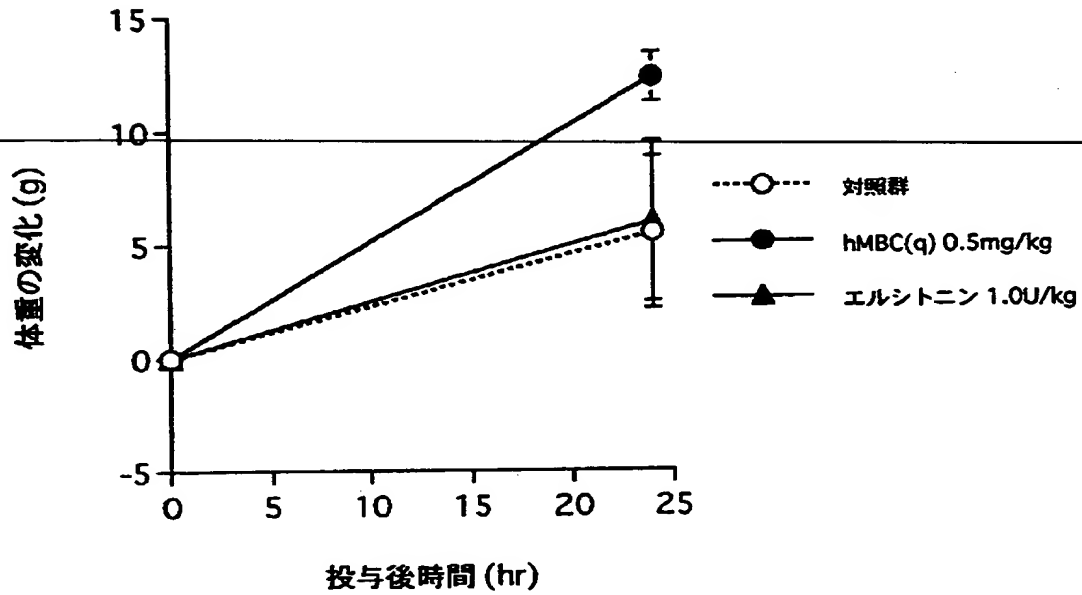
【図5】

ヒト型化抗PTHrP抗体およびカルシトニンのヒト肺癌株
LC-6-JCK担癌高カルシウム血症モデルラットでの薬効



【図 6】

ヒト型化抗PTHrP抗体およびカルシトニンのヒト肺癌株
LC-6-JCK担癌高カルシウム血症モデルラットでの薬効



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 高カルシウム血症クリーゼに対する治療剤の提供。

【解決手段】 副甲状腺ホルモン関連ペプチドとその受容体との結合を阻害する物質を有効成分として含む高カルシウム血症クリーゼ治療剤。

【選択図】 なし

【書類名】 職権訂正データ
【訂正書類】 特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】

【識別番号】 000003311
【住所又は居所】 東京都北区浮間5丁目5番1号
【氏名又は名称】 中外製薬株式会社

【代理人】

申請人

【識別番号】 100091096
【住所又は居所】 東京都港区虎ノ門1丁目17番1号 虎ノ門5森ビ
ル3階平木国際特許事務所
【氏名又は名称】 平木 祐輔

【選任した代理人】

【識別番号】 100096183
【住所又は居所】 東京都港区虎ノ門1丁目17番1号 虎ノ門5森ビ
ル3階平木国際特許事務所
【氏名又は名称】 石井 貞次

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[000003311]

1. 変更年月日 1990年 9月 5日

[変更理由] 新規登録

住 所 東京都北区浮間5丁目5番1号

氏 名 中外製薬株式会社

This Page Blank (uspto)

THIS PAGE BLANK (USPTO)